

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA
FILHO”**

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM DADOS
FENOTÍPICOS AVALIADA EM DIFERENTES POPULAÇÕES
E LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA**

José Arantes Ferreira Júnior

Engenheiro Agrônomo

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA
FILHO”**

**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM DADOS
FENOTÍPICOS AVALIADA EM DIFERENTES POPULAÇÕES
E LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA**

José Arantes Ferreira Júnior

Orientador: Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

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

2013

Ferreira Júnior, José Arantes

O48f Diversidade genética com base em dados fenotípicos avaliada em diferentes populações e linhagens avançadas de soja / José Arantes Ferreira Júnior. – – Jaboticabal, 2013

ix, 57 f. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientadora: Antônio Orlando Di Mauro

Banca examinadora: Everton Luis Finotto, Gustavo Vitti

Moro

Bibliografia

1. Caracteres agrônômicos. Melhoramento genético. 3. *Glycine max.* I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.34:631.54

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

JOSÉ ARANTES FERREIRA JÚNIOR – nascido em 25 de fevereiro de 1985, em Monte Alegre de Minas, estado de Minas Gerais. Ingressou no curso de Agronomia nas Faculdades Associadas de Uberaba (FAZU), Uberaba – MG, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em fevereiro de 2010. Durante a graduação, foi bolsista de iniciação científica no Laboratório de análise de sementes da EPAMIG (2009/2010), no projeto intitulado: “Novas oleaginosas para produção de biodiesel”. Neste mesmo período colaborou com o Programa de melhoramento genético de soja pela EPAMIG/Uberaba-MG, em parceria com Embrapa e Fundação Triângulo de Pesquisa e Desenvolvimento. Nos anos de 2008 a 2010, participou como integrante e estagiário nas Faculdades Associadas de Uberaba - FAZU, do Grupo de Estudos em Melhoramento de Plantas – GEMEP, atuando com a cultura da soja na instalação e condução de ensaios de VCU de 1º e 2º ano de diversas instituições (Embrapa, Pioneer, Dow Agrosience, Wehrmann). Em março de 2011 ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP. Durante o mestrado atuou em projetos que abrangem todas as etapas do programa de melhoramento genético de soja da UNESP-FCAVJ.

“Não há como impedir que seu concorrente produza resultados”.
“A única fórmula de vencer é sermos mais eficientes nas próprias
ações e ocupando espaços, caso contrário, ele o fará.”

W. Timothy Gallwey

Aos meus pais José Arantes e Terezinha e
Aos meus irmãos Josistelma, Jorgetânia,
Rosa (In memoria), Merialda, Corina e João.
pelo estímulo, confiança e
companherismo.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pelo dom da vida, pela força e sabedoria.

Aos meus pais, José Arantes Ferreira e Terezinha Maria Silva Ferreira por todo o suporte e pelo amor incondicional.

A toda minha família que contribuiu para eu chegasse até aqui, na finalização de mais uma etapa da minha vida. Em especial aos meus irmãos Josistelma, Jorgetânia, Rosa (in memoria), Corina, Merialda, João Thieres e Jaime, pelas palavras de encorajamento, por ter me dado força para superar todas as dificuldades. Aos meus sobrinhos Jessica, Jhesse, Julie, Guilherme, Marcos Rafael, Geovana, Eduarda, Igor e Valentina que me proporciona muitos momentos de alegria.

A Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP e ao Departamento de Produção vegetal.

Ao Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro, pela orientação e realização deste trabalho, assim como pelos conselhos do cotidiano.

A coorientadora Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, que se empenhou ao máximo em me auxiliar, pela sua amizade e conhecimentos transmitidos.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP pela bolsa de mestrado concedida (Processo nº 2011/04761-0) e pelo recurso para execução deste trabalho.

Aos meus fiéis braços direitos, meu irmão Rafael Santos Finholdt e a professora Sybelli Magda Coelho Gonçalves Espindola.

Aos amigos de Jaboticabal mais que especiais, Anderson Dallastra, Mario Santos, Tony, João Prieto, Bruno Vieira, Giselle Felicianni, Gisele Sales, Wellington

Zanni, Bruno Kitano, Flávio Cese Arantes, Laerte Bárbaro Júnior, Marcela Yada, Mayara Murata, Paolo Orlando Zancanaro, Marcelo Tufaile e Bernardo Melo.

A equipe do programa de melhoramento genético de soja da UNESP/FCAV: Daniel Leite, Viviane Formice, Fabiana Mota, Renata Trindade, Bruno Val, Eduardo Bizari, Otávia Vilela, Lilian Cristina, Elise, Guilherme Gomez, Ronaldo Simões, Gustavo Peron, Paulo Selestrino, Catarina Mardegan e Rafael.

Ao Técnico Agrícola Geraldo Magela de Assis pela amizade, companheirismo e dedicação às atividades do programa de melhoramento genético de soja da UNESP/FCAVJ.

Aos membros das bancas de qualificação e defesa pelas contribuições e auxílios fornecidos.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, Rubens, Sebastião, Tito, Osmar, Mauro, Gabi e Mônica pelo apoio no dia a dia, pelas conversas e todos os momentos de alegria.

Ao gerente da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, Marcelo e sua equipe que sempre esteve presente nos auxiliando na medida do possível e com excelência.

MUITO OBRIGADO !!!

SUMÁRIO

RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	x
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1 Introdução	1
2 Revisão de Literatura	2
2.1 A cultura da soja.....	2
2.1.1 Botânica	2
2.1.2 Origem e expansão da cultura da soja.....	2
2.1.3 Importância econômica	4
2.2 Divergência genética.....	5
2.2.1 Base genética.....	5
2.2.2 Dissimilaridade genética.....	5
2.2.3 Métodos de agrupamento.....	6
2. 3 Ferrugem asiática da soja.....	7
3 Referências	8
CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE SOJA ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS, QUÁDRUPLOS E ÓCTUPLOS.13	
Resumo.....	13
1 Introdução	14
2 Material e Métodos.....	13
3 Resultados e Discussão.....	15
4 Referências	20

CAPÍTULO 3- DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SOJA COM FONTE DE RESISTÊNCIA À FERRUGEM ASIÁTICA A PARTIR DE CARACTERES FENOTÍPICOS.....	36
Resumo.....	36
1 Introdução	37
2 Material e Métodos.....	38
3 Resultados e Discussão	41
4 Conclusões.....	53
5 Referências	54
CAPITULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	57

DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM DADOS FENOTÍPICOS AVALIADA EM DIFERENTES POPULAÇÕES E LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA

RESUMO – Atualmente, a soja destaca-se como a mais importante oleaginosa cultivada no mundo, sendo que o Brasil e os EUA se destacam como os maiores produtores mundiais. O Brasil nas últimas três décadas, apresentou aumento significativo tanto no volume de produção, quanto na produtividade desta cultura. Esta evolução é justificada pela melhoria das condições de cultivo nas diversas regiões brasileiras, mas principalmente pela obtenção de novas cultivares merlhadas. O sistema produtivo de soja do país tem exigido dos programas de melhoramento genético o desenvolvimento de cultivares precoces, com altas produtividades e resistentes as diversas doenças que ocorrem na cultura, sendo que a ferrugem asiática, destacou-se na última década como a mais importante. Dentre as várias fases de um programa de melhoramento merece destaque o planejamento e a síntese dos cruzamentos, onde informações referentes à divergência genética são fundamentais, pois estes estudos norteiam a tomada de decisão, na obtenção de populações segregantes superiores e promissoras. Apenas informações referentes à divergência genética não são suficientes para escolha de parentais para hibridação, a mesma deve vir acompanhada de informações referente ao desempenho do genótipo, quanto a algumas características desejáveis. Os capítulos seguintes apresentarão estudos sobre a divergência genética e o desempenho agrônomo em genótipos de soja superiores, através da caracterização fenotípica dos mesmos.

Palavras-Chave: Caracteres agrônômicos, Melhoramento genético, *Glycine max* (L.) Merrill

GENETIC DIVERSITY BASED ON PHENOTYPIC DATA EVALUATED IN DIFFERENT POPULATIONS AND ADVANCED LINES IN SOYBEAN

ABSTRACT – Today, soybean is the most important oil seed crop in the world, where Brazil and USA are the world's largest producers. In the last three decades, the Brazilian production and yield of soybean increased significantly. This evolution is justified by the improvement of growing conditions in different regions of Brazil, but mainly for the crop breeding programs. The Brazilian soybean production system has required early soybean varieties from the breeding programs with high yield and resistant to many diseases, especially the Asian rust, one of the most important disease in the last decade. Among the several steps of a breeding program, the two steps that deserve attention are the planning and synthesis of crossings, where information about genetic divergence is critical, because these studies guide the decision making to get higher and promising segregating populations. Only information regarding divergence genetic is not enough for choosing parental for hybridization, because the information must be accompanied by information about genotype performance of for some desirable characteristics. The following chapters will present studies on divergence genetic and agronomic performance in higher soybean genotypes by phenotypic characterization.

Keywords : Agronomic traits, Genetic improvement, *Glycine max* (L.) Merrill

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

Dentre as espécies cultivadas a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] se destaca como uma cultura de grande importância, pois sua utilização se dá tanto para alimentação humana, quanto para alimentação animal. Além disso, é uma indispensável matéria prima impulsionadora de diversos complexos agroindustriais. A soja, é originária do continente Asiático e durante anos, passou por um processo de evolução e expansão sendo hoje de extrema importância no agronegócio mundial.

Nas últimas quatro décadas o Brasil vem assistindo o aumento tanto na produção quanto na produtividade da cultura da soja. Esta evolução é justificada pela melhoria das condições de cultivo nas diversas regiões brasileiras, mas principalmente pela obtenção de novas cultivares. Uma das dificuldades no desenvolvimento de novos materiais se constitui na quantidade de cruzamentos e de populações segregantes que devem ser conduzidas para a obtenção de genótipos superiores.

O estudo da divergência genética permite a tomada de decisões na escolha de parentais. Uma vez que se utilizam genótipos mais divergentes em esquema de cruzamentos é possível obter populações segregantes com maior variabilidade genética (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). A diversidade genética pode ser determinada por meio da caracterização molecular, fenotípica ou bioquímica (CARVALHO et al., 2003).

Técnicas preditivas e multivariadas são muito utilizadas para este tipo de estudo, evitando a realização de cruzamentos entre indivíduos similares. Dentre as técnicas utilizadas temos a análise de agrupamento, que tem sido empregada rotineiramente neste tipo de estudo. Existem inúmeros métodos de agrupamentos, diferenciados na forma de especificar a medida de proximidade entre indivíduos. Cada critério de análise de agrupamento impõe certo grau de estrutura dos dados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Assim, o presente trabalho objetivou avaliar o desempenho agronômico e a divergência genética entre linhagens avançadas e superiores de soja a partir de caracteres de importância agronômica, para fins de identificação de futuras combinações superiores e promissoras.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura da soja

2.1.1. Botânica

A soja quanto à sua classificação botânica pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (antiga *Leguminosae*), subfamília *Faboideae* (*Papilionoideae*), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* e forma cultivada *Glycine max* (L.) Merrill (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Classifica-se como planta anual, de porte ereto, ramificada esparsamente, com um tipo de crescimento arbustivo e com folhas trifoliadas alternadas, os folíolos são ovalados, ovais a lanceolado-elíptica, as flores são brancas ou roxas podendo haver diferenças de tonalidades, as vagens são retas ou ligeiramente curvadas, contendo uma a quatro sementes de forma ovalada ou subesférica, as cores do tegumento podem variar de amarelo-claro, verde-oliva ou marrom a preto avermelhado (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

2.1.2. Origem e expansão da cultura da soja

Há referências bibliográficas, segundo as quais esta leguminosa constituía-se em base alimentar do povo chinês há mais de 5000 anos, sendo difícil estabelecer com precisão sua origem e sua história. As primeiras citações do grão aparecem no período entre 2883 e 2838 AC, quando a soja era considerada um grão sagrado, ao lado do arroz, do trigo, da cevada e do milho. Um dos primeiros registros do grão está no livro "Pen Ts'ao Kong Mu", que descrevia as plantas da China ao Imperador

Sheng-Nung. Para alguns autores, as referências à soja são ainda mais antigas, remetendo ao "Livro de Odes", publicado em chinês arcaico (SEDYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

De acordo com Black (2000) no continente Americano a soja foi citada pela primeira vez nos Estados Unidos, no início do século XIX, como espécie promissora para produção de grãos e com aptidão como planta forrageira, tendo iniciado a sua expansão naquele país a partir de 1930. Esta expansão em poucas décadas foi um dos mais impressionantes eventos ocorridos no setor agrícola norte americano. No Brasil esta cultura foi introduzida por Gustavo D'Ultra, no estado da Bahia em 1882. Uma vez introduzida e sem sucesso no estado da Bahia, a soja foi levada para o Rio Grande do Sul e São Paulo no ano 1891 onde encontrou latitude favorável e boa adaptação às condições climáticas da região (SEDYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Black (2000) destaca que do Rio Grande do Sul, a soja avançou para os estados de Santa Catarina e Paraná, sendo que neste último sua expansão deu-se pela ocupação das áreas de arroz de sequeiro do sul, das áreas de araucárias retiradas por madeireiras no oeste, e das áreas dos cafezais devastados pelas geadas do norte. Entre o início e meados da década de 70, algumas variedades começaram a ser cultivadas, em substituição ao arroz de sequeiro, nos cerrados de latitude mais altas localizadas ao sul do Mato Grosso do Sul (URBEN FILHO; SOUZA, 1993).

Para Black (2000) um novo capítulo da história da sojicultura brasileira tinha iniciado, pois nesta região havia disponibilidade de terra barata, subsídio do governo e recursos financeiros, desenvolvimento de pesquisas voltadas para a agricultura nos cerrados, bom preço interno e externo do grão, fizeram com que a soja tivesse uma expansão muito rápida naquela região. Além destes fatores citados acima, o fator mais importante para a expansão da soja, foi o desenvolvimento de genótipos adaptados, inclusive para regiões equatoriais (ALMEIDA et al., 1999).

O uso de período juvenil longo foi à solução encontrada por alguns melhoristas de soja para retardar o florescimento em condições de dias curtos (HARTWIG; KIIHL, 1979; KIIHL; ALMEIDA; DAL'AGNOL, 1985). Permitindo com isso a expansão desta cultura para regiões que apresentavam baixas latitudes.

Durante a fase juvenil a soja não floresce, mesmo quando submetida a fotoperíodo indutivo, permitindo maior crescimento vegetativo. Vários genótipos com essa característica (inicialmente foram utilizados os genótipos Santa Maria, PI 159925 e PI 240664) foram identificados e usados no desenvolvimento de variedades (BORÉM; ALMEIDA; KIIHLL, 1999).

2.1.3. Importância econômica

No âmbito do agronegócio mundial, a produção de soja está entre as atividades econômicas que, nas últimas décadas, apresentou crescimento com maior expressão. Isto pode ser atribuído a diversos fatores, tais como a estruturação de um grande mercado internacional relacionado com o comércio de produtos do complexo soja, consolidação da oleaginosa como importante fonte de proteína vegetal, especialmente para atender demandas crescentes dos setores ligados à produção de produtos de origem animal e maior desenvolvimento e oferta de tecnologias, que viabilizaram a expansão da cultura da soja para diversas regiões do mundo (EMBRAPA SOJA, 2010).

O Brasil tem contribuído para este cenário de evolução e importância da soja, nas últimas décadas, figurando como o 2º maior produtor mundial de soja, ficando atrás apenas dos EUA. A expectativa é que o Brasil, alcance os EUA em volume produzido passando de 66,5 milhões de toneladas na safra 2011/12 para 80 milhões de toneladas na safra 2012/13 (USDA, 2012).

Já a Argentina aparece em 3º lugar com um volume de 41 milhões de toneladas na safra 2011/12 e tem uma projeção de 55 milhões de toneladas na safra 2012/13, apresentando um aumento de aproximadamente 25 por cento. Crescimento previsto acima do Brasil para o mesmo período que deverá apresentar pouco mais de 17 por cento de aumento no volume produzido.

No decorrer de 35 anos (1976/77 a 2011/12), verifica-se um aumento de 6,2 vezes no volume produzido de soja e um aumento de área de 3,6 vezes. Diante deste fato é importante ressaltar que houve aumento na produção, em virtude do aumento da produtividade. Sendo que neste mesmo período, observou-se um

acréscimo de 1748 para 2651 kg.ha⁻¹, resultando em 34% de aumento (CONAB, 2012).

Esta evolução é justificada pela melhoria das condições de cultivo nas diversas regiões brasileiras, mas principalmente pela obtenção de novas cultivares melhoradas. Uma das dificuldades no desenvolvimento de novos genótipos se constitui na quantidade de cruzamentos e de populações segregantes que devem ser conduzidas para a obtenção de novas combinações superiores. Segundo Faria et al. (2007) o progresso genético direcionado em qualquer espécie está relacionado à existência de variabilidade genética. Esta variabilidade é importante para imposição de processos seletivos que efetivamente resultem em ganhos genéticos significativos (BERNARDO, 2002).

2.2. Divergência genética

2.2.1 Base genética

A soja é uma cultura que, pelos estudos de grau de parentesco e divergência genética, apresenta alta similaridade entre as cultivares desenvolvidas nos últimos anos (BONATO et al., 2006; HYTEN et al., 2006; PRIOLLI et al., 2002; HIROMOTO & VELLO, 1986). A base genética estreita gera problemas como falta de variabilidade, suscetibilidade das cultivares frente a uma epidemia e dificuldades em ganhos de produtividade, o que pode comprometer um programa de melhoramento ou até mesmo uma área de cultivo (MANJARREZ-SANDOVAL, 1997).

No estudo da diversidade genética, são utilizados caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares que, por sua vez, são submetidos às técnicas multivariadas, permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

2.2.2 Dissimilaridade genética

Segundo Moura, Casali e Cruz (1999), a determinação da dissimilaridade genética, por meio da avaliação simultânea de vários caracteres, pode ser uma

ferramenta eficiente para a identificação de genótipos superiores e combinações promissoras. As variedades de soja diferenciam-se com relação a diversos caracteres agronômicos, tais como: altura da planta, altura de inserção da primeira vagem, número de nós, número de vagem por plantas, número de sementes por vagem, peso de cem sementes, produtividade, resistência a doenças e pragas, etc.

Características agromorfológicas são fundamentais no melhoramento aplicado e por isso, são rotineiramente usadas no estudo da diversidade genética. Na predição da divergência genética usando marcadores agromorfológicos, podem ser aplicados métodos de análise multivariada, como análise por componentes principais, variáveis canônicas e métodos de agrupamento (MULATO, 2009).

De acordo com Cruz (1990) o agrupamento dos genótipos é realizado através de duas etapas: estimação de médias de dissimilaridade entre genótipos estudados e utilização de um método para formação de grupos. A distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis são as duas medidas de dissimilaridade mais utilizadas, sendo que apenas a última leva em consideração a correlação entre os caracteres.

Uma crítica que se faz à distância euclidiana é o fato da mesma não levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são feitas em genótipos avaliados em delineamentos experimentais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

2.2.3 Métodos de agrupamentos

Existem 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. Cada critério de análise de agrupamento impõe certo grau de estrutura nos dados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos de agrupamento podem ser hierárquicos ou de otimização. Os métodos de otimização são os melhores quando não se tem conhecimento prévio sobre o material genético a ser estudado, sendo um dos mais comuns o método de

otimização de Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Neste método é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO, 1952).

Segundo Bertan et al. (2006) nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendograma, sem a preocupação com o número ótimo de grupos. Segundo Cruz e Regazzi (2001) existem várias formas de representar esta estrutura de agrupamento, tais como: o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, método UPGMA, método de Ward, dentre outros.

No método de Ward considera-se a formação inicial do grupo, aqueles indivíduos que proporcionam a menor soma de quadrados dos desvios. Admite-se que, em qualquer estágio, há perda de informações em razão do agrupamento realizado, o qual pode ser quantificado pela razão entre a soma de quadrados dos desvios dentro do grupo em formação e a soma de quadrados total dos desvios (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). De acordo com Barroso e Artes (2003) este método é interessante por se basear numa medida com forte apelo estatístico e por gerar grupos que, assim como o método do vizinho mais distante, possuem uma alta homogeneidade interna.

2.3 Ferrugem Asiática

Grande número de doenças causadas por fungos, bactérias, nematóides e vírus já foi constatado no Brasil (YORINORI, 1996) e, a ferrugem asiática da soja causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & P. Sydow é uma das doenças de maior importância. Plantas severamente infestadas com a ferrugem asiática, apresentam desfolha precoce, o que compromete a formação, o enchimento de vagens e o peso final dos grãos. Quanto mais cedo ocorrer a desfolha, menor será o tamanho do grão e, conseqüentemente, maior a perda de rendimento e de qualidade (Yang et al., 1991).

De acordo com Yorinori & Lazzarotto (2004) após a primeira constatação no Paraguai e no estado do Paraná em 2001, a ferrugem asiática espalhou-se rapidamente por todo o Brasil. O fungo é disseminado pelo vento, e, molhamento

foliar prolongado por mais de 10 horas/dia, temperaturas variando de 15°C a mais de 30°C, e chuvas frequentes são condições determinantes para o estabelecimento da doença (EMBRAPA, 2011).

Além do método químico, algumas estratégias podem ser utilizadas no controle da ferrugem asiática, tais como: utilização de cultivares mais precoces, semeadas no início da época recomendada para cada região; evitar o prolongamento do período de semeadura, monitoramento constante das lavouras e utilização de cultivares resistente (YORINORI & LAZZAROTTO, 2004). SILVA; JULIATTI; SILVA (2007) destaca que em cultivares de ciclo precoce, a doença tem menor tempo para causar redução da produtividade, em razão de a cultura ficar menor tempo no campo.

A utilização de cultivares resistentes é o método mais viável de controle. No entanto, até o momento não estão disponíveis cultivares com resistência completa ao patógeno. Contudo, é observada variação entre cultivares no período de latência e na taxa de progresso da doença, parâmetros da resistência parcial (BALARDIN, 2013). O estudo da divergência genética entre genótipos de soja com fonte de resistência a ferrugem é essencial para o planejamento de cruzamentos a serem realizados, a fim de se obter cultivares resistente a doença.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, L. A. DE, KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C. de; CAMPELO, G. J. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas Para O Nordeste Brasileiro**, Londrina- Paraná, p.1-15, 1999.

BALARDIN, R.; S. **BASES PARA MANEJO DA FERRUGEM ASIÁTICA (PHAKOPSORAPACHYRHIZI)**. Disponível em: <http://www.acsoja.org.ar/images/cms/contenidos/453_b.pdf>. Acesso em: 12 mar. 2013.

BARROSO, L. P.; ARTES, R. Análise multivariada. Lavras: UFLA, 2003. 151p.

BERNARDO, R. Breeding for Quantitative Traits in Plants. **Woodbury: Stemma Press**, 2002, 360 p.

BERTAN, Ivandro et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociencia**, Pelotas, v. 12, n. 3, p.279-286, 2006.

BLACK, J. R. Complexo soja: fundamentos, situação atual e perspectiva. In: CÂMARA, G. M. S. (Ed.). **Soja: tecnologia da produção II**. Piracicaba: ESALQ/LPV, 2000. p. 1-19.

BONATO, A. L. V.; CALVO, E. S.; GERALDI, I. O.; ARIAS, C. A. A. Genetic similarity among soybean [*Glycine max* (L) Merrill] cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.692-704, 2006.

BORÉM, A., ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R.A.S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (ed.) **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. 540p.

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALIERI, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos do banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n10, p.1149-1155, 2003.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_12_10_09_57_53_sojaseri_ehist.xls>. Acesso em: 6 dez. 2012.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicado no melhoramento genético**. 2ª ed.rev. Viçosa:UFV, 2001.390p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 2003, 585p

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

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

CRUZ, C.; D.; FERREIRA, F.; M.; PESSONI, L.; A. Diversidade genética-Importância. In: CRUZ, C.; D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L.; A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema, 2011. p. 2-28.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de Soja Região Central do Brasil 2011**. Londrina, 2010. 253 p.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil – 2012 e 2013**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2011. 261p.

FARIA, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. S. F.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. Genetic gain in soybean crop, **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 1, p. 71-78, jan./mar. 2007.

HARTWING, E. E.; KIIHL, R. A. S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short day conditions. **Field Crops Research**, v.2, p. 145-151, 1979.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine Max(L.) Merrill*) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v. 9, p. 295 - 306, 1986.

HYTEN , D. L.; SONG , Q.; ZHU , Y.; CHOI , I. Y.; NELSON , R. L.; COSTA , J. M.; SPECHT, J. E.; SHOEMAKER, R.C.; CREGAN, P.B. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, v.103, p.16666-16671, 2006.

KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; DALL'AGNOL, A. Strategies for cultivar development in the tropics. In: **World Soybean Research Conference III, Proceedings**. Westview Press, London. p. 301-304, 1985.

MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER Jr, T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. Heterosis in soybean and its prediction by genetic similarity measures. **Crop Science**, v. 37, n. 5, p. 1443-1452, 1997.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; LIMA, P.C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.34, n.2, p.217-224. 1999.

MULATO, Bruno Mello. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, ETS-SSR e caracteres agromorfológicos**. 2009. 86 f. Dissertação (Mestrado) - Esalq, Piracicaba, 2009.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers, *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.25, n.2, p.185-193, 2002.

RAO, R.C. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley, 1952. 390p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. de; BARROS, H. B. ORIGEM, EVOLUÇÃO E IMPORTÂNCIA ECONÔMICA. In: SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina- Paraná: Mecenaz, 2009. Cap. 1, p. 1-5.

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

SILVA, V. A. S.; JULIATTI, F. C.; SILVA, L. A. S. Interação entre resistência genética parcial e fungicidas no controle da ferrugem asiática da soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 42, n. 9, p. 1261-1268, 2007.

URBEN FILHO, G.; SOUZA, P. I. de M. Manejo da Cultura da soja sob cerrado: época, densidade e profundidade de semeadura. In: ARANTES, N. E.; SOUZA, P. I. de M. **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: **Associação Brasileira Para Pesquisa da Potassa e Fosfato**, 1993. p. 267-298.

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Soybeans: World supply and distribution**. 2012. Acesso em: 20 dez. 2012.

YANG, X. B.; TSCHANZ, A. T.; DOWLER, W. M.; WANG, T. C. Development of yield loss models in relation to reductions of components of soybean infected with *Phakopsora pachyrhizi*. *Phytopathology*, v. 81, p. 1420-1426, 1991.

YORINORI, J. T. Doenças da soja no Brasil. In: FUNDAÇÃO CARGILL. **Soja no Brasil Central**. Campinas: Fundação Cargill, 1996. p. 301-363.

YORINORI, J. T.; LAZZAROTTO, J. J. **Situação da ferrugem asiática da soja no Brasil e na América do Sul**. Londrina: EMBRAPA/CNPSO, 2004. 27p. (Documentos, n. 236).

CAPÍTULO 2 – Diversidade genética entre linhagens de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos

RESUMO - O estudo da divergência genética por meio de processos preditivos permite identificar combinações superiores e promissoras, facilitando a escolha de parentais para hibridações. Objetivo-se no presente trabalho analisar a diversidade genética e o desempenho agrônômico de um grupo de linhagens de soja, oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos, além de identificar futuras combinações superiores e promissoras. O experimento foi instalado em delineamento em blocos ao acaso com três repetições, sendo avaliadas 41 linhagens e quatro testemunhas. Os caracteres avaliados foram: número de dias para floração (NDF); altura da planta na floração (APF); número de dias para maturidade (NDM); altura da planta na maturidade (APM); altura de inserção da primeira vagem (AIV); número de ramos (NR); número de vagens por planta (NV); valor agrônômico (VA); acamamento (Ac) e produtividade de grãos (PG) em kg. ha⁻¹. Para o cálculo das distâncias fenotípicas foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis e a contribuição relativa de cada caráter. Dentre os genótipos analisados, 19 linhagens obtiveram altos rendimentos, sendo superiores às testemunhas V-max, CD 216 e Conquista. A maior distância detectada foi entre as linhagens JAB 41 e JAB 17 (279,81), seguidas por JAB 40 e JAB 17 (261,38) e ainda entre JAB 40 e JAB 22 (255,46). Verificou-se a formação de seis grupos utilizando o método de agrupamento de Ward, sendo recomendadas hibridações entre as linhagens do segundo grupo com as do 5º grupo, que apresentaram alta produtividade. As linhagens oriundas de cruzamentos múltiplos ficaram distribuídas em 4 grupos e as de cruzamentos biparentais em 9 grupos, utilizando o método de agrupamento de Tocher.

PALAVRAS CHAVES: Dissimilaridade, Caracteres agrônômicos, Tocher, Ward.

1. INTRODUÇÃO

A soja é responsável por 90% do farelo protéico e do óleo produzidos no Brasil (ANUÁRIO BRASILEIRO DA SOJA, 2008). O farelo é a principal fonte de proteína na nutrição animal, sendo utilizado principalmente na formulação de rações. O óleo de soja representa mais de 90% do consumo de óleo comestível no Brasil (BLACK, 2000). Cabe ainda salientar, a crescente utilização da soja como matéria prima para produção de Biodiesel, que vem recebendo inúmeros incentivos por ter alto teor de óleo e ter os aspectos fitotécnicos bem definidos (ANUÁRIO BRASILEIRO DA SOJA, 2008).

O estreitamento da base genética representa uma limitação para o desenvolvimento de programas de melhoramento, como indisponibilidade de alelos para enfrentar estresses bióticos e abióticos, menor adaptabilidade e limitação do potencial produtivo (PRIOLLI et al., 2002; HYTEN et al., 2006). Segundo Vello (1992) a base genética é decorrente do reduzido número de parentais empregados no desenvolvimento de cultivares. No Brasil alguns resultados já foram encontrados com a realização de cruzamentos múltiplos, no intuito de contornar problemas de diversidade genética e resistência a doenças (HAMAWAKI; VELLO; DIDONE, 2000; HAMAWAKI; VELLO; HAMAWAKI, 2002; MUNIZ, 2007).

MUNIZ (2007) estudou a variabilidade genética obtida por cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos, em geração F_3 através da estimativa de herdabilidade e ganho genético em Soja e concluiu que hibridações com maior número de parentais tendem a apresentar maior variabilidade. No entanto é importante verificar se o aumento do número de parentais também proporciona elevação da divergência genética entre as linhagens obtidas.

Apenas informações referentes à divergência genética não são suficientes para escolha de parentais para hibridação. A mesma deve vir acompanhada de informações referente ao desempenho do genótipo, quanto a algumas características desejáveis. No caso do melhoramento genético de soja, atualmente o sistema produtivo tem preferência por genótipos com menor número de dias para maturidade e que sejam de alta produtividade.

Assim, o presente trabalho objetivou avaliar o desempenho agrônômico e a divergência genética entre linhagens de soja, oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos, além de identificar futuras combinações superiores e promissoras entre as mesmas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Manejo experimental e tratamentos utilizados

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2011/2012 na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, localizada ao norte do estado de São Paulo, a 21°15' de latitude sul e 48°18' de longitude oeste, com altitude aproximada de 595 m (Figura 1). O solo é classificado como Latossolo Vermelho Eutroférico Argiloso (Lvef) (1), com relevo suavemente ondulado e o clima é do tipo Cwa, segundo a classificação de Köppen.

A semeadura foi realizada manualmente no dia 21 de novembro de 2011, em sulcos com densidade de quinze plantas por metro. No plantio foram utilizados 350 kg. ha⁻¹ da fórmula 00-30-15, sendo as sementes inoculadas no sulco de plantio com inoculante líquido (SEMIA 5079 + SEMIA 5080), na dosagem de 360 ml. ha⁻¹, através de uma bomba costal. As parcelas experimentais foram mantidas durante todo o ciclo da cultura, com rigoroso controle de pragas, doenças e plantas infestantes, conforme recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2011).

O experimento foi instalado no delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela experimental consistiu de quatro linhas com 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre si, sendo considerada como área útil as duas linhas centrais, desprezando-se 0,5 m de cada extremidade, totalizando 4 m². Foram semeadas 41 linhagens do programa de melhoramento genético de soja da UNESP, campus de Jaboticabal (Tabela 1) e 4 testemunhas (CD 216, CD 219, V-max e Conquista).

Tabela 1. Identificação e genealogia de linhagens do Programa de melhoramento genético de soja da Unesp-FCAV. Ano agrícola 2011/2012, Jaboticabal-SP.

Nº	Código	Genealogia
1	JAB 1	Coodetec - 204 x Liderança
2	JAB 2	Conquista x Coodetec – 204
3	JAB 3	Conquista x Coodetec – 204
4	JAB 4	Coodetec - 204 x Liderança
5	JAB 5	Coodetec - 204 x Liderança
6	JAB 6	Conquista x Coodetec – 204
7	JAB 7	Conquista X IAC Foscarin-31
8	JAB 8	Embrapa-48 X Conquista
9	JAB 9	Embrapa-48 X Conquista
10	JAB 10	Embrapa-48 X Conquista
11	JAB 11	Embrapa-48 X Conquista
12	JAB 12	Embrapa-48 X Conquista
13	JAB 13	Embrapa-48 X Conquista
14	JAB 14	CAC-1 X BR-17
15	JAB 15	CAC-1 X BR-19
16	JAB 16	Coodetec - 204 x Liderança
17	JAB 17	(BRS-137 x Hartwig) x (IAC-8-2 x Embrapa-48)
18	JAB 18	(Hartwig x BRS-134) x (Coodetec-201 x BRS MS Bacuri)
19	JAB 19	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
20	JAB 20	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
21	JAB 21	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
22	JAB 22	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
23	JAB 23	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
24	JAB 24	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
25	JAB 25	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
26	JAB 26	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
27	JAB 27	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)
28	JAB 28	(Hartwig x BRS-134) x (Tainung-4 x Renascença)

Continuação da Tabela 1.

29	JAB 29	[[[Trainung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS-134)]x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 xBRS-137)]]
30	JAB 30	[[[Trainung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS-134)]x [(Embrapa-59 x Coodetec-204) x (CAC-1 xBRS-137)]]
31	JAB 31	IAC-17 X BR-16
32	JAB 32	IAC-17 X BR-16
33	JAB 33	IAC-17 X BR-18
34	JAB 34	IAC-17 X BR-18
35	JAB 35	IAC-17 X BR-19
36	JAB 36	Embrapa-48 X IAC-17
37	JAB 37	Embrapa-48 X IAC-18
38	JAB 38	Embrapa-48 X IAC-20
39	JAB 39	Embrapa-48 X IAC-21
40	JAB 40	Embrapa-48 X IAC-22
41	JAB 41	Embrapa-48 X IAC-23
42	CD 216	
43	CD 219	
44	V-max	
45	Conquista	

3.3 Caracteres agronômicos

A caracterização fenotípica foi realizada por meio da avaliação dos seguintes caracteres: **Número de dias para floração (NDF)**: definido como o período em dias entre a data de emergência das plantas até a data em que atingissem o estágio R₁-R₂ (FEHR & CAVINESS, 1977), apresentando 50% das flores abertas. **Número de dias para maturidade (NDM)**: definido como o período em dias entre a data de emergência das plantas até a data em que aproximadamente 95% das vagens apresentaram-se maduras (estádio R₈) (FEHR & CAVINESS, 1977). **Altura da planta na floração (APF)**: obtido pela distância, em cm do colo da planta até o ápice da haste principal no estágio R₁-R₂ através da média de seis plantas. **Altura da planta na Maturidade (APM)**: obtido pela medida, em cm da altura do colo da planta até o ápice da haste principal, através da média de seis plantas tomadas ao acaso dentro da área útil. **Altura de inserção da primeira vagem (AIV)**: obtido pela medida, em cm do colo da planta até a altura da inserção da primeira vagem, através da média de seis plantas dentro da área útil. **Número de ramos por planta (NR)**: obtido por meio da contagem de ramos de cada planta, sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Número de vagens por planta (NV)**: obtido por meio da contagem da quantidade de vagens de cada planta sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Acamamento (Ac)**: caráter avaliado no estágio R₈ (FEHR & CAVINESS, 1977) da planta por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas); **Valor agronômico (VA)**: caráter avaliado no estágio R₈ de desenvolvimento da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agronômicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agronômicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais (arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade). **Peso de cem sementes (P100)**: obtido por meio de quatro amostras de 100 semetes, através de uma balança de precisão de uma grama. **Produtividade de grãos (PG)**: obtida a partir da colheita das plantas da área útil da

parcela, sendo as mesmas trilhadas e seus grãos corrigidos a 13% de umidade, sendo convertido em kg. ha⁻¹.

3.4 Análises estatísticas

Os dados fenotípicos foram submetidos à análise de variância, através do modelo de delineamento em blocos ao acaso (DBC) de acordo com o modelo estatístico, sugerido por Cruz (2001):

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} = valor observado do i -ésimo genótipo, no j -ésimo bloco;

μ = média geral;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$);

B_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, b$); e

E_{ij} = erro experimental.

As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade. No cálculo das distâncias foram consideradas apenas as linhagens, sendo excluídas as testemunhas, sendo utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011):

$$(D^2_{ii}) = \delta' \psi^{-1} \delta, \text{ em que:}$$

D^2_{ii} : Distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz de variância e covariância residuais;

δ' : vetor de distâncias entre dois acessos [$d_1 d_2 \dots d_v$], sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável.

Foi aplicado o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das características para a divergência genética entre as linhagens. Todas as

análises supracitadas foram realizadas por meio do programa estatístico Genes (CRUZ, 2007). Além disto, com base na matriz de distância, construída a partir das distâncias de Mahalanobis, aplicou-se o método de agrupamento de Tocher e de Ward utilizando o software STATISTIC (STATSOFT, 2004).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para todas as características analisadas houve significância para o teste de F a 5% de probabilidade (Tabela 2). O coeficiente de variação (CV%) oscilou entre 2,88 (NDF) a 19,39 (AIV), sendo que para o caráter produtividade de grãos foi obtido o valor de 13,93%, considerado adequado de acordo com as normas do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2012) para os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCUs) em soja, e estando abaixo do valor recomendado por Carvalho et al., (2003).

Para o caráter número de dias para floração foram encontrados valores de 36,6 (CD 216) a 56,6 dias (JAB 5), sendo que os genótipos JAB 17, V-max e CD 216 apresentaram os menores valores para este caráter, comportando-se estatisticamente iguais entre si e diferindo dos demais (Tabela 3).

Para o caráter número de dias para maturidade, verificou-se que os genótipos apresentaram médias entre 102,0 (JAB 3) a 133,5 dias (Conquista) (Tabela 3). Atualmente, cultivares mais precoces são desejados nos diversos programas de melhoramento de soja, principalmente para atender áreas de renovação de canaviais (UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010), e também são utilizadas para atender áreas de safrinha em regiões onde a 2^a safra é tradicional.

Tabela 2. Resumo da análise de variância de onze caracteres agrônômicos, avaliados em 45 genótipos de soja. Ano agrícola 2011/2012

QUADRADOS MÉDIOS							
FV	GL	NDF	NDM	APF	APM	AIV	Ac ¹
BLOCOS	2	6,77	29,2	345,76	121,45	2,43	0,037
GENÓTIPOS	44	69,6*	181,4*	373,48*	491,52*	66,57*	0,12*
RESÍDUOS	88	4,59	11,88	33,17	48,99	13,05	0,05
MÉDIA		49,46	119,45	59,32	82,26	18,62	1,2
CV(%)		4,33	2,88	9,7	8,5	19,39	19,02
FV	GL	VA ¹	NR ²	NV ¹	P100	PG	
BLOCOS	2	0,26	0,94	1,09	0,384	1329097	
GENÓTIPOS	44	0,67*	0,42*	5,58*	12,14*	869911,44*	
RESÍDUOS	88	0,17	0,65	0,93	0,967	176932,81	
MÉDIA		1,7	1,81	7,6	15,13	3018,87	
CV(%)		7,69	14,05	12,76	6,49	13,93	

Significativo pelo teste de F a 5% de probabilidade; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agrônômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 sementes; PG: produtividade de grãos, ¹dados transformados para \sqrt{x} ²dados transformados para $\sqrt{x+0.5}$

Para o caráter altura de planta na maturidade, o teste de Scott-Knott, discriminou os genótipos em quatro grupos sendo que os valores observados variaram de 53,9 (JAB 17) a 106,8 cm (JAB 8). Dos genótipos que obtiveram os maiores valores para esta característica, apenas o JAB 8 e JAB 9 apresentaram altura acima do recomendado pela literatura como adequado (Tabela 3). Marques (2010) afirma que plantas com altura superiores a 100 cm tendem a acamar, além de dificultarem a eficiência das colhedoras, tendendo ainda a produzir menos e apresentando efeitos adversos sobre a qualidade do produto.

Tabela 3. Médias dos 11 caracteres agrônômicos avaliados em 45 genótipos de soja, agrupadas pelo Teste de Scott-Knott (5%). Ano agrícola 2011/2012.

NDF (dias)		NDM (dias)		APF (cm)		APM (cm)		AIV (cm)		Ac ¹ (notas)		VA ¹ (notas)		NR ²		NV ¹		P100 (gramas)		PG (Kg.ha ⁻¹)	
Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X
5	56,6 a	45	133,5 a	27	76,9 a	8	106,8 a	40	30,9 a	45	2,9 a	41	4,0 a	11	5,3 a	11	114,5 a	17	19,8 a	6	4136 a
41	56,0 a	13	132,0 a	8	76,5 a	9	101,0 a	1	25,9 a	38	2,9 a	40	4,0 a	31	5,3 a	36	106,1 a	29	19,3 a	4	3981 a
40	56,0 a	41	128,3 b	41	73,9 a	45	99,3 a	6	24,2 a	23	2,6 a	26	4,0 a	35	4,8 a	31	106,1 a	6	19,0 a	5	3958 a
35	56,0 a	4	128,3 b	26	73,3 a	41	96,8 a	41	24,0 a	19	2,3 a	43	3,6 a	39	4,3 a	14	94,1 a	28	18,2 b	13	3814 a
34	55,6 a	11	127,0 b	19	72,4 a	13	96,8 a	2	23,9 a	8	2,3 a	33	3,6 a	14	4,3 a	45	86,5 b	30	17,7 b	12	3706 a
33	55,0 a	16	126,3 b	45	72,2 a	40	96,5 a	10	23,5 a	28	2,3 a	27	3,6 a	12	4,3 a	41	86,5 b	23	17,5 b	20	3680 a
11	54,6 a	35	126,0 b	40	71,5 a	10	96,0 a	3	23,4 a	12	2,3 a	24	3,6 a	45	3,9 a	39	81,0 b	21	17,4 b	41	3674 a
4	54,6 a	19	126,0 b	13	70,9 a	19	95,8 a	33	23,2 a	20	2,0 a	9	3,6 a	37	3,9 a	38	81,0 b	27	17,3 b	27	3543 a
26	54,6 a	34	125,6 b	33	70,6 a	26	94,8 a	30	22,6 a	17	2,0 a	5	3,6 a	8	3,9 a	35	81,0 b	26	17,3 b	11	3534 a
27	53,3 a	27	125,6 b	11	69,4 a	27	94,7 a	8	22,3 a	40	2,0 a	13	3,6 a	38	3,9 a	12	81,0 b	44	17,2 b	33	3491 a
19	53,3 a	26	125,6 b	9	68,9 a	33	94,0 a	28	22,2 a	39	2,0 a	3	3,6 a	36	3,9 a	37	75,7 b	22	17,1 b	19	3432 a
45	53,0 a	5	125,6 b	5	68,2 a	16	92,7 a	34	22,1 a	36	2,0 a	15	3,2 a	33	3,9 a	8	75,7 b	25	17,0 b	34	3362 a
14	52,6 a	33	125,3 b	10	66,4 a	18	92,2 a	23	22,1 a	6	2,0 a	11	3,2 a	34	3,9 a	33	68,9 b	5	15,8 c	18	3341 a
1	52,6 a	40	124,6 b	4	65,8 a	11	90,6 b	43	22,1 a	33	1,7 b	10	3,2 a	21	3,9 a	32	68,9 b	34	15,5 c	35	3327 a
24	52,3 a	15	124,6 b	18	64,6 b	6	90,4 b	29	21,9 a	31	1,7 b	1	3,2 a	32	3,9 a	40	64,0 b	15	15,5 c	9	3312 a
36	50,6 b	14	123,6 b	21	62,9 b	24	89,7 b	24	21,8 a	24	1,7 b	45	2,9 b	30	3,5 a	27	64,0 b	2	15,5 c	23	3242 a
18	50,5 b	8	123,0 c	23	62,6 b	5	89,2 b	21	21,2 a	7	1,7 b	37	2,9 b	28	3,5 a	10	64,0 b	7	15,3 c	43	3241 a
43	50,3 b	6	122,6 c	20	62,3 b	21	86,2 b	5	20,1 a	41	1,4 b	35	2,9 b	18	3,5 a	20	59,3 c	35	15,2 c	37	3171 a
38	50,3 b	18	122,5 c	1	61,8 b	20	86,2 b	9	19,9 a	27	1,4 b	34	2,9 b	17	3,5 a	18	59,3 c	45	15,2 c	10	3118 a
13	50,0 b	12	122,3 c	24	61,2 b	4	85,8 b	14	19,9 a	43	1,2 b	32	2,9 b	26	3,1 a	28	53,3 c	3	15,1 c	24	3084 a
12	50,0 b	10	122,3 c	34	61,1 b	43	85,4 b	7	19,6 a	42	1,2 b	30	2,9 b	29	3,1 a	26	53,3 c	20	15,0 c	40	3030 b
37	49,6 b	24	122,0 c	12	61,0 b	15	83,2 b	45	19,2 a	37	1,2 b	20	2,9 b	27	3,1 a	24	53,3 c	4	14,9 c	39	3003 b

Tabela 3. Médias dos 11 caracteres agronômicos avaliados em 45 genótipos de soja, agrupadas pelo teste de Scott-Knott (5%). Ano agrícola 2011/2012

32	49,3b	43	120,6c	16	60,8b	34	82,4b	15	18,3b	30	1,2b	19	2,9b	19	3,1a	19	53,3c	19	14,8c	7	2946b
16	49,3b	30	120,0c	15	60,3b	30	81,7b	35	18,1b	29	1,2b	18	2,9b	23	2,7a	17	53,3c	1	14,7c	26	2932b
8	49,3b	21	119,3c	6	60,2b	12	81,5b	26	17,1b	26	1,2b	16	2,9b	20	2,7a	4	53,3c	33	14,7c	1	2890b
10	48,6c	39	119,0c	30	60,1b	7	81,1b	22	17,5b	21	1,2b	14	2,9b	16	2,7a	42	49,0c	12	14,7c	36	2888b
6	48,6c	37	118,6c	38	58,3b	23	81,0b	39	17,4b	16	1,2b	12	2,9b	9	2,7a	34	49,0c	42	14,6c	30	2879b
31	48,3c	23	118,3c	29	58,0b	38	79,5c	25	17,2b	15	1,2b	8	2,9b	7	2,7a	30	49,0c	32	14,5c	21	2857b
20	48,3c	9	118,3c	28	57,7b	39	79,1c	4	17,2b	9	1,2b	7	2,9b	4	2,7a	29	49,0c	16	14,3c	15	2845b
28	48,0c	20	118,0c	35	57,0b	1	78,3c	12	17,2b	3	1,2b	6	2,9b	6	2,7a	15	49,0c	24	14,2c	14	2803b
23	47,6c	28	117,3c	32	56,5b	37	77,8c	37	16,8b	2	1,2b	4	2,9b	3	2,4b	13	49,0c	18	14,2c	45	2788b
21	47,6c	1	117,0c	37	56,3b	28	77,8c	16	16,8b	44	1,0b	2	2,9b	13	2,1b	7	49,0c	9	14,2c	8	2776b
9	47,6c	38	116,3c	14	55,2b	14	74,6c	27	16,3b	35	1,0b	44	2,6b	10	2,1b	5	49,0c	36	14,0c	16	2765b
30	47,3c	29	116,3c	7	54,6b	29	72,9c	11	15,8b	34	1,0b	42	2,6b	42	2,1b	23	44,9c	8	13,9c	42	2690b
29	47,3c	22	115,0d	36	50,3c	42	72,8c	38	15,1b	32	1,0b	39	2,6b	15	2,1b	16	44,9c	43	13,6d	3	2643b
7	47,3c	7	114,6d	43	50,0c	35	72,8c	32	14,1c	25	1,0b	38	2,6b	5	2,1b	9	44,9c	10	13,5d	17	2612b
39	47,0c	25	114,3d	31	49,0c	32	70,3c	13	13,9c	22	1,0b	31	2,6b	24	1,8b	6	44,9c	14	13,5d	38	2537b
3	46,3c	36	112,3d	39	47,2c	25	66,3d	18	13,7c	18	1,0b	29	2,6b	2	1,8b	2	44,9c	39	13,4d	2	2511b
25	46,0c	31	109,6d	25	46,2c	44	66,1d	42	13,0c	14	1,0b	28	2,6b	1	1,8b	1	44,9c	37	13,3d	28	2379c
15	45,6c	32	108,6d	17	45,4c	2	63,5d	20	12,3c	13	1,0b	23	2,6b	43	1,2c	21	39,7c	31	13,2d	32	2310c
22	44,0c	17	107,0e	3	43,9c	22	62,6d	19	12,2c	11	1,0b	21	2,6b	22	1,2c	43	36,0d	13	12,4e	22	2220c
2	43,6c	44	103,6e	2	42,4c	36	61,9d	44	12,0c	10	1,0b	25	2,3c	25	0,9c	3	36,0d	40	12,1e	44	2151c
17	37,0d	42	103,0e	22	41,8c	3	60,2d	31	11,1c	5	1,0b	36	2,0c	41	0,7c	44	25,0d	38	12,0e	31	2102c
44	36,6d	2	102,3e	42	32,8d	31	59,7d	17	10,4c	4	1,0b	22	2,0c	40	0,5c	25	25,0d	11	11,8e	25	2101c
42	36,6d	3	102,0e	44	29,6d	17	53,9d	36	8,0c	1	1,0b	17	2,0c	44	0,0c	22	25,0d	41	11,6e	29	2008c

*Médias seguidas pela mesma letra foram agrupadas a 5% de probabilidade pelo teste Scott-Knott. Id: número de identificação JAB do genótipo; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agronômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 sementes; P.G.: produtividade de grãos; ¹dados transformados para \sqrt{x} ; ²dados transformados para $\sqrt{x+0,5}$.

Em relação à altura de inserção de primeira vagem, foram obtidas médias variando de 8,0 (JAB 36) a 30,9 cm (JAB 40), sendo que as linhagens JAB 32, JAB 13, JAB 18, CD 216, JAB 20, JAB 19, V-max, JAB 31 e JAB 17 apresentaram valores dentro do recomendado pela literatura. Almeida et al. (2011) ressaltam que, usualmente, busca-se obter cultivares com altura de inserção variando de 10 a 15 cm, pois alturas menores poderiam resultar em perdas na colheita mecanizada.

Para o caráter número de vagens o teste Scott-Knott classificou os genótipos em quatro grupos, sendo que as linhagens JAB 11, JAB 36, JAB 31 e JAB 14 apresentaram os maiores valores (Tabela 3). Peluzio et al. (2010) encontraram correlação positiva entre número de vagens por planta e produtividade, enfatizando que este é um caráter importante para o rendimento final de grãos, por fazer parte do grupo dos componentes da produção.

O peso de 100 sementes variou de 11,6 (JAB 41) a 19,8 g (JAB 17), sendo que as linhagens JAB 17, JAB 29 e JAB 6 apresentaram os maiores valores pra esta característica (Tabela 3). Por sua vez, as linhagens JAB 13, JAB 40, JAB 38, JAB 11 e JAB 41 apresentaram os menores valores. Rigon et al. (2012) encontraram correlação direta entre este caráter e rendimento de grãos, relatando que é possível obter ganhos de produtividade, utilizando esta característica através da seleção indireta.

Para o caráter produtividade de grãos, os genótipos apresentaram valores de 2008 (JAB 29) a 4136 kg. ha⁻¹ (JAB 6), sendo que a média do experimento foi superior a 3000 kg.ha⁻¹, este valor está acima da média estimada para o Estado de São Paulo na safra 2010/11 que foi de 2744 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2012). Gonçalves et al. (2007), estudando o comportamento de 28 linhagens em seis ambientes na região de Jaboticabal no ano agrícola de 2005/2006, obtiveram produtividades médias de 1936 Kg. ha⁻¹ estando este valor muito abaixo do encontrado no presente trabalho.

As medidas de dissimilaridade (Tabela 4) foram estimadas a partir das distâncias de Mahalanobis, cujos resultados obtidos indicaram uma elevada magnitude das distâncias (3,18 a 279,81). Estes resultados concordam com Almeida et al. (2011) que, estudando a divergência genética entre 12 cultivares de soja no estado do Tocantins, obtiveram a dissimilaridade entre os genótipos com variação de

2,65 a 374,06. Desta forma, houve divergência entre pares de genótipos estudados, indicando grande variabilidade, sendo semelhantes aos resultados obtidos em outros trabalhos com a cultura da soja (RIGON et al., 2012 e MALIK et al., 2007). A maior distância encontrada foi entre as linhagens JAB 41 e JAB 17 (279,81), seguidas por JAB 40 e JAB 17 (261,38) e ainda entre JAB 11 e JAB 17 (246,44). É importante ressaltar que entre os genótipos mais divergentes tem-se JAB 41 e JAB 11, que apresentaram alto rendimento de grãos e JAB 17 que apresentou ciclo reduzido, sendo que estes caracteres são de grande importância para a cultura da soja.

As maiores distâncias foram observadas entre uma linhagem oriunda de um cruzamento quádruplo (JAB 17) com as linhagens de origem biparental (JAB 40, JAB 41 e JAB 11). Diante disso considera-se que o aumento do número de genitores, de forma geral, não foi determinante para a dissimilaridade genética obtida. Vale ressaltar que todas as linhagens biparentais que obtiveram maiores distâncias são filhas do genitor EMBRAPA-48, sendo este utilizado como masculino.

A menor distância foi verificada entre as linhagens JAB 22 e JAB 25 (3,18) (Tabela 4). A primeira é oriunda de cruzamento quádruplo e a segunda de óctuplo, portanto originárias de genitores distintos. A distância encontrada para estas duas linhagens é menor que a encontrada entre algumas linhagens irmãs avaliada neste trabalho. As linhagens JAB 2, JAB 3 e JAB 6, são oriundas do cruzamento entre Conquista x Coodetec-204. Mesmo sendo originárias dos mesmos genitores, foram encontrados as distâncias 6,70 (JAB 2 e JAB 3), 103, 15 (JAB 2 e JAB 6) e por fim 103,75 (JAB 3 e JAB 6). Este fato demonstra que o processo seletivo durante o período de obtenção de uma linhagem, tem grande impacto na expressão fenotípica final de um genótipo, podendo originar genótipos divergentes, mesmo sendo oriundos de um mesmo cruzamento.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética indicou que os caracteres peso de 100 sementes (18,38), número de dias para a maturidade (15,18) e número de dias para floração (13,69) foram os que mais contribuíram para a diversidade obtida entre os 41 genótipos de soja estudados (Tabela 5). Estes resultados concordam com Almeida et al. (2011) que também encontrou maior contribuição destas três características para a divergência genética total em genótipos de soja cultivados sob condições de Várzea irrigada no sul do estado do Tocantins.

Tabela 5. Contribuição relativa de 11 caracteres agronômicos para estudo de diversidade genética em 41 linhagens de soja, segundo o critério de Singh (1981)

Caracteres	S.j	Valor em %
P100	8595,23	18,38
NDM	7098,51	15,18
NDF	6.400,61	13,69
APF	3846,36	8,22
NR	3662,28	7,83
PG	3597,48	7,69
APM	3954,75	6,76
VA	2599,27	5,55
NV	2392,32	5,11
AIV	3161,62	3,08
Ac	1444,10	3,08

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agrônômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 sementes; PG: produtividade de grãos.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseado na matriz de Mahalanobis, classificou as 41 linhagens em 10 grupos (Tabela 6), sendo verificado que 4 grupos foram constituídos por apenas um genótipo e três por dois genótipos. Os grupos 1, 2 e 5 foram formados por 9, 17 e 5 genótipos, respectivamente. Santos

et al. (2011), estudando a divergência genética entre 48 cultivares comerciais de soja através de 17 características agrônômicas, verificou a formação de 4 grupos pelo método de tocher. A formação de 10 grupos neste trabalho demonstra a existência de variabilidade entre as linhagens testadas. Bizari (2011) verificou a formação de oito grupos pelo método de otimização de Tocher, estudando a divergência genética entre 46 linhagens avançadas de soja do programa de melhoramento genético da UNESP/FCAV. Ainda na Tabela 6, observa-se que as 17 linhagens oriundas dos cruzamentos quádruplos e óctuplos, ficaram localizadas em 4 grupos pelo método de agrupamento de Tocher. Diferentemente deste grupo de linhagens provenientes de cruzamentos múltiplos, as linhagens biparentais ficaram distribuídas em 9 grupos, pelo método de agrupamento de tocher. Este fato demonstra que o aumento do número de parentais, não foi determinante para o aumento da diversidade genética entre os genótipos.

Tabela 6. Agrupamento de otimização entre 41 linhagens de soja, obtidos pelo método de Tocher com base em 11 características, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupo	Linhagens																
1	22	25	29	28	30	21	23	15	7								
2	26	27	5	4	34	33	35	19	12	24	18	16	20	37	14	10	1
3	2	3															
4	40	41															
5	31	36	32	38	39												
6	8	9															
7	13																
8	11																
9	6																
10	17																

O dendrograma (Figura 1) representa o agrupamento pelo método de Ward das 41 linhagens de soja a partir da distância generalizada de Mahalanobis. O corte no dendrograma foi efetuado à aproximadamente 17%, ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível, conforme recomendado por Cruz (1990).

Observando o dendrograma (Figura 1) nota-se a formação de seis grandes grupos, sendo que o primeiro grupo foi formado pelos genótipos JAB 29, JAB 28, JAB 23, JAB 30, JAB 21, JAB 15 e JAB 6. De acordo com a Tabela 2, verifica-se que os genótipos citados compreendem as linhagens que são de ciclo intermediário. Já o segundo grupo foi composto pelas linhagens JAB 25, JAB 22, JAB 17, JAB 3 e JAB 2, sendo estes os genótipos com menor número de dias para maturidade (Tabela 2).

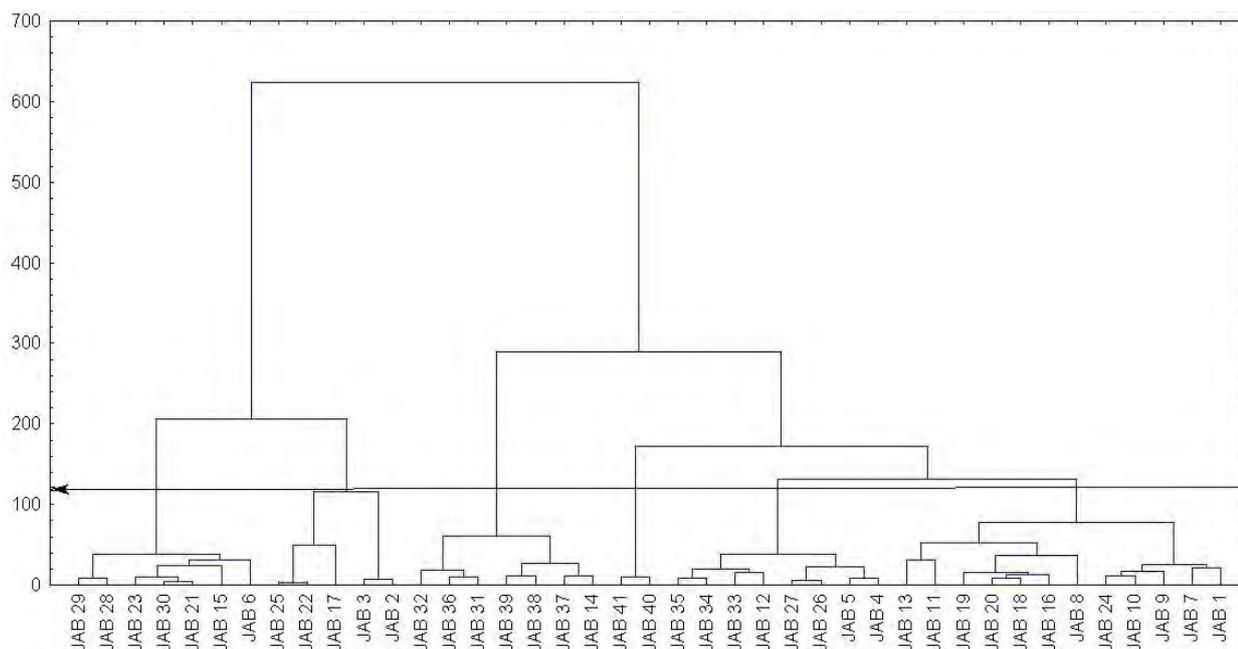


Figura 1. Dendrograma obtido entre 41 linhagens de soja, pelo método de agrupamento de Ward, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

O terceiro grupo foi composto por sete linhagens, a saber: JAB 32, JAB 36, JAB 31, JAB 39, JAB 38, JAB 37 e JAB 14 (Figura 1). Este agrupamento é composto pelos genótipos que apresentaram os menores valores para altura de planta na Maturidade, abrangendo o terceiro e o quarto grupo separados pelo teste de Scott-Knott (Tabela 2).

Por sua vez, o quarto grupo (Figura 1) foi constituído apenas por duas linhagens (JAB 41 e JAB 40). Apesar de estes dois genótipos terem sido agrupados, os mesmos poderiam ser considerados uma extensão do terceiro grupo, pois as linhagens JAB 39, JAB 38, JAB 37 e JAB 36 possuem como genitor masculino a cultivar EMBRAPA-48.

O quinto grupo (Figura 1) reuniu linhagens que obtiveram altas produtividades, como: JAB 35, JAB 34, JAB 33, JAB 12, JAB 27, JAB 26, JAB 5 e JAB 4. E por fim o sexto grupo foi formado pelo restante dos genótipos estudados. Neste último agrupamento não foi possível identificar relação com uma característica específica. No entanto os genótipos ficaram reunidos desta forma, provavelmente pelo fato de, em sua maioria, serem aparentados.

Vale ressaltar que, de acordo com a formação dos grupos, é possível indicar algumas linhagens para esquemas de cruzamentos. Diante disso podem ser realizadas hibridações utilizando as linhagens do segundo com as do quinto grupo, pois as mesmas possuem características complementares. Com esses cruzamentos será possível explorar a variabilidade existente, para continuidade do processo seletivo com possibilidades de obtenção de novas variedades produtivas e portadoras de bons atributos agronômicos. Conforme se observa no dendograma os genótipos não se agruparam em função do número de genitores, mostrando que este fator, não foi determinante para reunir os genótipos.

3. CONCLUSÕES

A presença de variabilidade genética permitiu a identificação de genótipos divergentes e com bons atributos agronômicos.

O aumento do número de genitores não foi determinante para o aumento da diversidade genética entre as linhagens, bem como não foi o fator responsável pelo agrupamento ou não dos genótipos avaliados.

Os caracteres peso de 100 sementes, número de dias para maturidade e número de dias para florescimento, foram os que mais contribuíram para a divergência genética.

Hibridações entre as linhagens do segundo e quinto grupo (Método de Ward) são promissoras para obtenção de populações segregantes, pois estas linhagens são divergentes e possuem características agronômicas superiores e complementares.

4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANUÁRIO BRASILEIRO DE SOJA 2008/ ERNA. **Regina Reetz ...[et al.]**.- Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2008.136p.

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

BIZARI, E.; H. **DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS PRECOSES DE SOJA POR MEIO DE ANÁLISES BIOMÉTRICAS E MOLECULARES**. 2011. 52 f. Monografia (Graduação) - Faculdade de Tecnologia de Jaboticabal (fatec), Jaboticabal, 2011.

BLACK, J. R. Complexo soja: fundamentos, situação atual e perspectiva. In: CÂMARA, G. M. S. (Ed.). **Soja: tecnologia da produção II**. Piracicaba: ESALQ/LPV, 2000. p. 1-19.

CARVALHO, C. G. P. Proposal to categorize coefficients of variation for yield and plant height in soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, vol.38, n.2, 2003.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_12_10_09_57_53_sojaseri_ehist.xls>. Acesso em: 6 dez. 2012.

CRUZ, C.; D.; FERREIRA, F.; M.; PESSONI, L.; A. Diversidade genética - Importância. In: CRUZ, C.; D.; FERREIRA, F.; M.; PESSONI, L.; A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema, 2011. p. 2-28.

CRUZ, C. D. **Programa GENES** - Aplicativo computacional em genética e estatística. Disponível em: <www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>. Versão Windows 2007, 2007.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicado no melhoramento genético**. 2ª ed.rev. Viçosa:UFV, 2001. 390p.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) -

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de Soja Região Central do Brasil 2011**. Londrina, 2010. 253 p.

FARIA, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. S. F.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. Genetic gain in soybean crop, **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 1, p. 71-78, jan./mar. 2007.

FEHR, W. P.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Agriculture and Home Economics Experiment Station and Cooperative Extension Service. Ames: Iowa State University, 1977. 11p. (Special Report 80)

GONÇALVES, E. C. P.; DI MAURO, A. O.; CARGNELUTTI FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja conduzidos em duas épocas de semeadura, região de Jaboticabal – SP. **Científica**, Jaboticabal, v. 35, n.1, p.61-70. 2007.

HAMAWAKI, O. T.; VELLO, N. A.; HAMAWAKI, R. L. Seleção de progenies superiores em cruzamentos óctuplos de soja. **Biosci Journal**, v. 18, n. 2, p. 49-58, 2002.

HAMAWAKI, O. T.; VELLO, N. A.; DIDONE, C. A. Improvement in genetic characteristics and oil yield of selected soybean progenies from octuple crosses. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 855-864, 2000.

HYTEN, D. L.; SONG, Q.; ZHU, Y.; CHOI, I. Y.; NELSON, R. L.; COSTA, J. M.; SPECHT, J. E.; SHOEMAKER, R.C.; CREGAN, P.B. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America, v.103, p.16666-16671, 2006.

MALIK, M. F. A. ASHRAF, M.; QURESHI, A. S.; GHAFOR, A. ASSESSMENT OF GENETIC VARIABILITY, CORRELATION AND PATH ANALYSES FOR YIELD AND ITS COMPONENTS IN SOYBEAN. **Pak. J. Bot**, Pakistan, v. 39, n. 2, p.405-413, 2007.

MARQUES, M.; C. **Adaptabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia**. 2010. 84 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). **Requisitos mínimos para determinação do Valor de Cultivo e Uso de soja (Glycine max) para inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC.** Disponível em: <[http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/vegetal/RegistroAutorizacoes/SOJA%20\(GLYCINE%20MAX\)\(1\).doc](http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/vegetal/RegistroAutorizacoes/SOJA%20(GLYCINE%20MAX)(1).doc)>. Acesso em: 2 dez. 2012.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja.** Jaboticabal, SP, 2007, p. 94. Tese (Doutorado)

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers, **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.25, n.2, p.185-193, 2002.

PELUZIO, J.M.; AFFÉRRI, F.; MONTEIRO, F. J. F.; MELO, A. V.; PIMENTA, R. S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, 41:427-434, 2010.

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

SANTOS, E.; R. BARROS, H. B.; FERRAZ, CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência genética entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 6, p.755-764, 2011.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, 41:237-245, 1981.

STATSOFT, Inc. (2004). STATISTICA (data analysis software system), version 7.

UNÊDA-TREVISOLI, S.; H. CARDOSO, G.; K.; R.; DI MAURO, A.; O.; BLAT, S.; F.; BARBARO. I.; M.; PINHEIRO, J.; B.; FERREIRA, A.; N. Avaliação de cultivares de

soja precoce para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e tecnologia: FATEC JB**, Jaboticabal-SP, v.1, n.1, p.50-57. 2010.

VELLO, N. A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento de soja na ESALQ/USP. In: CÂMARA, G. M. S., MARCOS FILHO, J.; OLIVEIRA, E. A. M., (Ed.) **Simpósio sobre cultura e produtividade da soja**. Piracicaba, FEALQ, 1992, p. 60- 81.

CAPÍTULO 3 – Diversidade genética entre genótipos de soja com fonte de resistência à ferrugem asiática a partir de caracteres fenotípicos.

RESUMO – Para o controle da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow & P. Sydow), medidas conjuntas vêm sendo adotadas, no entanto a utilização de cultivares resistentes é o método mais barato e eficiente para o controle da doença. Objetiva-se neste trabalho estudar a divergência genética e o desempenho agrônomo entre linhagens de soja com genes de resistência a ferrugem asiática, identificando as melhores combinações. O ensaio foi conduzido no ano agrícola 2011/2012, na Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho”, campus de Jaboticabal. O ensaio foi instalado em Delineamento em Bolcos ao acaso, com 3 repetições. Foram utilizadas 38 linhagens experimentais de soja com gene de resistência a ferrugem asiática e 5 testemunhas (V-MAX, BRSMG 850GRR, BRSMG 760SRR, NA 7337, e BRSMG740SRR). Os caracteres avaliados foram: número de dias para floração e maturidade, altura de plantas na floração, maturidade e inserção de primeira vagem, acamamento, valor agrônomo, peso de cem grãos e produtividade de grãos. Através dos dados obtidos foi realizada análise de variância e as médias foram agrupadas por Skott-Knott a 5% de probabilidade. Foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis, na obtenção das medidas de dissimilaridade. Através da matriz de dissimilaridade foi realizada análise de agrupamento por meio do método de otimização de tocher e hierárquico de Ward. Dentre os genótipos analisados 13 linhagens e a testemunha BRSMG760SRR obtiveram os melhores rendimentos de grãos, sendo superiores as testemunhas V-MAX (10), BRSMG 850GRR (12), NA 7337 (36) e BRSMG740SRR (43). A maior distância detectada foi entre as linhagens 19 e 27 (90,35), seguidas por 19 e 35 (89,61) e ainda entre 35 e 37 (87,17). E por fim verificou-se a formação de 17 grupos pelo método de agrupamento de tocher e 10 grupos utilizando o método de Ward.

Palavras-Chave: Método de agrupamento, *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & P. Sydow, Singh

1. INTRODUÇÃO

A ferrugem asiática da soja, causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & P. Sydow, desde que foi observada pela primeira vez no Brasil, no ano agrícola de 2000/2001, tem apresentado alta agressividade, tornando-se desde então uma das principais doenças da cultura (EMBRAPA, 2011).

Após a primeira identificação no Brasil a ferrugem rapidamente se dispersou pelo continente americano, causando severas perdas de produção de até 75% na América do Sul (YORINORI et al., 2005). De acordo com Juliatti et al. (2005) o controle da ferrugem asiática da soja compreende diversas medidas conjuntas para que os danos e perdas sejam minimizados. A utilização de cultivares resistentes constitui o método mais viável de controle, e sua obtenção tem sido um desafio para o melhoramento de soja.

Até o momento, não existem cultivares com resistência ampla a *P. pachyrhizi*. Dessa forma, aplicações preventivas de fungicidas tem sido a estratégia de controle empregada pelos sojicultores. Com isso, programas brasileiros de melhoramento de soja buscam obter genótipos com maior resistência ou tolerância à ferrugem. Diferentes cruzamentos têm sido realizados, por meio de combinações entre cultivares comerciais e genótipos introduzidos, ou mesmo entre cultivares comerciais com diferentes formas de resistência (qualitativa ou quantitativa) (ARIAS et al., 2010).

Seis genes de resistência à ferrugem asiática dominantes e independentes foram identificados e denominados *Rpp1* a *Rpp6*. Também foram descritos genes distribuídos próximos aos previamente descritos, são eles um loco na PI 594538A (próximo ao *Rpp1*, denominado *Rpp1b*) e um loco na PI 506764 (Hyuuga, próximo ao *Rpp5*). Além desses, foram descritos dois alelos recessivos no loco *Rpp2*, um alelo recessivo no loco *Rpp5*, e outros alelos dominantes nos locos *Rpp1* e *Rpp1b* (LI et al., 2012).

Objetivo-se neste trabalho estudar a divergência genética e o desempenho agrônômico entre linhagens de soja portadoras de genes de resistência à ferrugem

asiática, bem como, identificar combinações superiores e promissoras para serem utilizadas em programas de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2011/2012 na Fazenda Experimental de Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, localizada ao norte do Estado de São Paulo, a 21°15’ de latitude sul e 48°18’ de longitude oeste, com altitude aproximada de 595 m. Foram utilizadas 38 linhagens (Quadro 1) pertencentes ao programa de melhoramento genético de soja da parceria EMBRAPA/EPAMIG/Fundação Triângulo, e 5 testemunhas (V-MAX, BRSMG 850GRR, BRSMG 760SRR, NA 7337, e BRSMG740SRR).

O ensaio foi instalado no delineamento experimental de blocos ao acaso (DBC), com três repetições. Cada parcela experimental constituiu-se de quatro linhas com 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre si, sendo considerada como área útil as duas linhas centrais, desprezando-se 0,5 m de cada extremidade. A semeadura foi realizada manualmente no dia 21 de novembro de 2011, em sulcos com densidade de 15 plantas m⁻¹. No plantio foram utilizados 350 kg. ha⁻¹ da fórmula 00-30-15. O manejo experimental seguiu as recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2011). As sementes foram inoculadas no sulco de plantio, utilizando inoculante líquido (SEMIA 5079 + SEMIA 5080), na dosagem de 360 ml. ha⁻¹, por meio de uma bomba costal.

Quadro 1. Relação de genótipos de soja com fonte de resistência a ferrugem asiática da soja (FAS) e nematóide de cisto

Nº	Código	Fonte FAS	Fonte NCS
1	BR08-80085	S	N
2	BRN07-103520	S	S
3	BRN08- 101601	S	S
4	RRMG08-91772	S	N
5	RRMG08-91776	S	N
6	RRMG08-91795	S	N
7	RRMG08-92040	S	N
8	RRMG08-92117	S	S
9	RRMG08-92226	S	N
10	V Max RR	N	S
11	RRMG08-9325	S	N
12	BRSMG 850GRR	N	N
13	BR07-58823	S	N
14	BR08-83424	N	S
15	BRN08-102957	S	S
16	MGBR08-77544	S	N
17	RRMG08-8908	S	N
18	RRMG08-8909	S	N
19	RRMG08-8982	S	N
20	RRMG08-91834	S	N
21	RRMG08-92019	S	N
22	RRMG08-93815	S	N
23	RRMG08-9423	S	S
24	RRMG08-94815	N	S
25	BR09-496	N	S
26	BRSMG 760SRR	N	N
27	BR09-1554	N	S
28	RRMG09-1033	N	S
29	RRMG09-1048	N	S
30	RRMG09-1161	N	S
31	RRMG09-1165	N	S
32	RRMG09-14113	S	N
33	RRMG09-14115	S	N
34	RRMG09-1502	S	N
35	RRMG09-1593	S	S
36	NA 7337	N	N
37	RRMG09-1636	S	S
38	RRMG09-16312	S	S
39	RRMG09-18311	N	S
40	RRMG09-97844	N	N
41	RRMG09-16323	S	S
42	RRMG09-9972	N	S
43	BRSMG 740SRR	N	S

* S: sim; N: não.

A caracterização fenotípica foi realizada por meio da avaliação dos seguintes caracteres: **Número de dias para floração (NDF)**: definido como o período em dias entre a data de emergência das plantas até a data em que estiverem no estágio R1-R2 (FEHR & CAVINESS, 1977), apresentando 50% das flores abertas. **Número de dias para Maturidade (NDM)**: definido como o período em dias entre a data de emergência das plantas até a data em que aproximadamente 95% das vagens apresentaram-se maduras (estádio R8) (FEHR & CAVINESS, 1977). **Altura da planta na floração (APF)**: obtido pela distância, em cm do colo da planta até o ápice da haste principal no estágio R₁-R₂ através da média de seis plantas. **Altura da planta na Maturidade (APM)**: obtido pela medida, em cm da altura do colo da planta até o ápice da haste principal, através da média de seis plantas tomadas ao acaso dentro da área útil. **Altura de inserção da primeira vagem (AIV)**: obtido pela medida, em cm do colo da planta até a altura da inserção da primeira vagem, através da média de seis plantas dentro da área útil. **Número de ramos por planta (NR)**: obtido por meio da contagem de ramos de cada planta, sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Número de vagens por planta (NV)**: obtido por meio da contagem da quantidade de vagens de cada planta sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Acamamento (Ac)**: caráter avaliado no estágio R8 (FEHR & CAVINESS, 1977) da planta por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas); **Valor agrônômico (VA)**: caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônômicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agrônômicas). **Peso de cem sementes (P100)**: obtido por meio de quatro amostras de 100 sementes, através de uma balança de precisão de uma grama. **Produtividade de grãos (PG)**: obtida a partir da colheita das plantas da área útil da parcela, sendo as mesmas trilhadas e seus grãos corrigidos a 13% de umidade, sendo convertido em kg. ha⁻¹.

Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade. Para o cálculo das distâncias genéticas foram consideradas apenas as linhagens (sendo excluídas as testemunhas), sendo as mesmas estimadas por meio da distância generalizada de

Mahalanobis (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Como análise suplementar, foi aplicado o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição das características para a divergência genética entre as linhagens. Todas as análises foram realizadas por meio do programa estatístico Genes (CRUZ, 2007). Além disto, com base na matriz de distâncias, construída a partir das distâncias de Mahalanobis, aplicaram-se os métodos de agrupamento de Tocher, utilizando o programa Genes e Ward, por meio do software STATISTIC (STATSOFT, 2004).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para todas as características analisadas houve significância para o teste de F a 5% de probabilidade, exceto para o caráter valor agronômico (VA) (Tabela 2). Observa-se que para todas as características, o coeficiente de variação (CV) esteve abaixo de 20% exceto para acamamento (Ac) que foi de 21,30%. Pimentel-Gomes e Garcia (2002) classificam este coeficiente em baixo, quando inferior a 10%; médio, quando de 10 a 20%; alto, quando de 20 a 30% e muito alto, quando superior a 30%. Para o caráter Produtividade de grãos (PG) foi obtido o coeficiente de variação de 14,1 indicando que este ensaio foi conduzido de forma satisfatória, principalmente por se tratar de um caráter quantitativo, e por isso, muito influenciado pelo ambiente.

Na Tabela 3 são apresentadas as médias para os 43 genótipos. Em relação ao número de dias para floração, foram encontrados valores entre 37,0 (10 e 34) a 57,0 (16), sendo que os genótipos 10, 34, 33, 31, 27 e 37 apresentaram os menores valores para esta característica. Já para o número de dias para maturidade, o teste de Scott-Knott agrupou as médias em 4 grupos, com valores entre 103,6 (40) a 129,3 (12). Os genótipos 12, 19, 18, 17, 15 e 36 apresentaram o maior número de dias para atingir a maturidade, e também estão entre os indivíduos mais tardios para número de dias para florescimento, exceto o genótipo 36 que constituiu o 3º grupo para esta característica. Ainda em relação ao número de dias para a maturidade, verifica-se que 17 dentre os genótipos estudados, apresentaram os menores ciclos. Genótipos com esta característica necessitam de menor número de aplicações de fungicida para o controle da ferrugem asiática (SILVA; JULIATTI; SILVA, 2007).

Tabela 2. Resumo da análise de variância de onze caracteres agronômicos, avaliados em 43 genótipos de soja. Ano agrícola 2011/2012

QUADRADOS MÉDIOS							
FV	GL	NDF	NDM	APF	APM	AIV	Ac ¹
BLOCOS	2	0.02	82.45	673.01	848	7.93	0.29
GENÓTIPOS	42	83.66*	135.3*	430.97*	641*	42.23*	0.14*
RESÍDUOS	84	11.23	22.53	88.24	104	9.77	0.07
MÉDIA		46.35	114.47	55.36	95.7	18.55	1.46
CV(%)		7.23	4.15	16.97	10.7	16.86	21,30

FV	GL	VA ¹	NR ²	NV ¹	P100	PG
BLOCOS	2	0.02	0,17	0.85	1.59	244604
GENÓTIPOS	42	0.03 ^{ns}	0,34*	2.95*	9.35*	766238*
RESÍDUOS	84	0.02	0,08	1.18	1.01	213364
MÉDIA		3.31	2.92	60.99	15.1	3275.23
CV(%)		8,43	15,38	13.89	6.7	14.1

Significativo pelo teste de F a 5% de probabilidade; ^{ns}: Não significativo; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agronômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 sementes; PG: produtividade ¹dados transformados para \sqrt{x} ²dados transformados para $\sqrt{x+0.5}$.

Em relação à altura de planta na maturidade (APM) foi verificado a formação de quatro grupos pelo teste de Scott-Knott, sendo observados valores entre 69,9 (40) a 135,0 (3). Este é um caráter que se deve ter atenção, uma vez que esta variável correlaciona-se com altura de inserção de primeira vagem e produtividade de grãos. Marques (2010) afirma que alturas de plantas acima de 100 cm são inadequadas para a cultura da soja, pois as plantas tendem a acamar e aumentam as perdas na colheita mecanizada. Conforme se observa neste trabalho, 16 dos 43 genótipos testados apresentaram alturas superiores a 100 cm.

Para a característica altura de inserção de primeira vagem (AIV), observou-se uma variação de 11,5 (30) a 28,4 (43 e 32). Almeida et al. (2011) preconiza que para esta característica o ideal é que este valor fique entre 10 a 15 cm. Conforme se verifica na Tabela 3, de forma geral encontraram-se valores muito altos para o caráter em questão e apenas os genótipos 30, 20, 13, 36, 9 e 31, apresentaram valores dentro do recomendado para a cultura. Existe relação entre Altura de plantas

e Altura de inserção da primeira vagem, fato que explica o aumento deste último caráter neste ensaio.

O acamamento (Ac) assume importante papel na seleção de cultivares, visto que pode provocar perdas durante a colheita mecanizada. Para esta característica observou-se valores de 1,0 (41, 36, 33, 26 e 23) a 4,0 (43) e houve a formação de apenas dois grupos pelo teste de Scott Knott. Em geral neste ensaio foram verificados valores altos para acamamento, proporcionado por plantas de maiores alturas finais. Os valores para esta característica são expressos em menor ou maior magnitude em virtude da época de plantio, densidade de semeadura e fertilidade do solo.

Para o caráter número de ramos (NR), foram identificados genótipos que não apresentaram ramos, como é o caso dos genótipos 33 e 37 e o genótipo 39 com 5,4 ramos. E ainda os genótipos 37, 33 e 32 obtiveram os menores valores para esta característica e não apresentaram diferença estatística entre eles. Navarro Júnior; Costa (2002) relatam que a característica número de ramos por planta tem relação com o potencial produtivo, uma vez que representa maior superfície fotossintetizante e, também, por meio do número de locais potenciais para o surgimento de flores.

Tabela 3. Médias de onze caracteres agrônômicos avaliados em 43 genótipos de soja, agrupadas pelo teste de Scott-Knott (5%). Ano agrícola 2011/2012

NDF (dias)	NDM (dias)		APF (cm)		APM (cm)		AIV (cm)		Ac ¹ (notas)		VA ¹ (notas)		NR ²		NV ¹		P100 (gramas)		PG (Kg.ha ⁻¹)		
	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	Id	X	
16	57,0 a	12	129,3 a	12	77,3 a	3	135,0 a	43	28,4 a	43	4,0 a	41	4,0 a	39	5,4 a	19	100,8 a	35	19,3 a	19	4850 a
12	56,6 a	19	126,0 a	22	75,1 a	8	121,3 a	25	28,4 a	25	3,0 a	33	4,0 a	12	5,4 a	2	98,0 a	23	18,7 a	37	3978 a
22	55,0 a	18	126,0 a	18	74,8 a	24	119,8 a	22	22,5 a	19	2,9 a	22	4,0 a	13	5,1 a	16	94,3 a	28	18,3 a	31	3939 a
17	54,0 a	17	126,0 a	16	74,4 a	26	113,7 a	29	25,3 a	9	2,5 a	11	4,0 a	30	4,8 a	12	89,3 a	27	18,0 a	25	3928 a
18	53,3 a	15	126,0 a	4	72,5 a	37	113,4 a	41	22,0 b	37	2,3 a	42	3,6 a	2	4,8 a	30	81,9 a	29	17,4 b	21	3927 a
15	53,3 a	36	125,3 a	19	70,7 a	32	112,5 a	33	21,9 b	20	2,3 a	39	3,6 a	6	4,2 a	31	81,7 a	8	17,1 b	18	3858 a
19	52,0 a	2	122,6 b	17	69,9 a	38	107,5 b	21	21,7 b	16	2,3 a	38	3,6 a	24	3,9 a	20	80,3 a	30	16,8 b	13	3814 a
4	52,0 a	16	121,6 b	20	69,3 a	25	107,4 b	1	21,1 b	13	2,3 a	36	3,6 a	20	3,9 a	14	76,9 a	9	16,7 b	26	3812 a
26	51,6 a	21	121,3 b	21	68,2 a	29	106,7 b	25	20,8 b	12	2,3 a	34	3,6 a	5	3,9 a	13	74,6 a	1	16,7 b	22	3721 a
24	51,6 a	41	119,3 b	14	67,2 a	16	104,0 b	26	20,5 b	3	2,3 a	32	3,6 a	35	3,6 a	41	73,3 a	31	16,5 b	30	3717 a
21	50,6 b	22	118,3 b	2	66,1 a	43	102,9 b	14	20,4 b	14	2,2 a	27	3,6 a	31	3,6 a	21	72,3 a	22	16,0 b	5	3696 a
2	50,6 b	13	117,6 b	26	64,8 a	41	102,9 b	37	20,3 b	18	2,2 a	26	3,6 a	27	3,6 a	18	71,7 a	7	15,9 b	2	3601 a
20	48,6 b	24	117,3 b	1	64,7 a	22	102,1 b	15	20,1 b	15	2,2 a	25	3,6 a	16	3,6 a	40	68,1 a	34	15,8 b	11	3599 a
14	48,3 b	26	117,0 b	7	63,7 a	14	101,6 b	34	20,1 b	7	2,2 a	21	3,6 a	14	3,6 a	5	67,9 a	10	15,6 c	7	3558 a
13	48,3 b	20	116,3 c	13	62,2 a	36	101,3 b	28	19,5 c	24	2,0 a	10	3,6 a	11	3,6 a	11	67,6 a	24	15,4 c	15	3404 b
43	48,0 b	3	115,6 c	6	59,7 a	28	101,1 b	7	19,3 c	42	1,9 a	6	3,6 a	7	3,6 a	39	66,7 a	11	15,3 c	6	3359 b
5	47,6 b	23	115,3 c	5	57,3 b	13	100,2 b	42	18,9 c	38	1,9 a	40	3,3 a	41	3,2 a	17	65,6 a	42	15,3 c	34	3357 b
38	47,3 b	43	115,0 c	11	56,9 b	4	99,3 b	24	18,6 c	34	1,9 a	35	3,3 a	21	3,2 a	29	63,7 a	40	15,3 c	12	3308 b
7	47,3 b	5	115,0 c	9	55,7 b	42	99,1 b	23	18,5 c	29	1,9 a	31	3,3 a	19	3,2 a	36	63,0 a	3	15,1 c	42	3306 b
9	47,0 b	38	114,6 c	43	54,0 b	20	97,5 b	18	18,3 c	2	1,9 a	29	3,3 a	25	3,1 a	24	62,3 a	43	15,0 c	36	3696 b
23	45,3 c	14	114,3 c	39	53,1 b	19	97,0 b	38	18,3 c	35	1,6 b	28	3,3 a	15	3,1 a	35	56,3 b	25	15,0 c	20	3292 b
6	45,3 c	9	113,6 c	8	53,1 b	7	96,2 b	3	18,2 c	31	1,6 b	24	3,3 a	4	3,1 a	8	56,3 b	14	14,96 c	8	3235 b
1	45,3 c	4	113,3 c	38	53,0 b	12	95,7 b	17	17,7 c	30	1,6 b	17	3,3 a	1	3,1 a	4	55,8 b	41	15,0 c	14	3220 b

Tabela 3. Médias de 11 caracteres agrônômicos avaliados em 43 genótipos de soja, agrupadas pelo teste de Scott-Knott (5%). Ano agrícola 2011/2012

29	45,0 c	1	113,3 c	23	51,6 b	18	95,6 b	11	17,6 c	17	1,6 b	16	3,3 a	34	3,0 a	38	54,8 b	32	15,0 c	23	3119 b
35	44,6 c	8	113,0 c	15	51,5 b	1	94,2 b	40	17,5 c	28	1,5 b	14	3,3 a	23	3,0 a	26	54,6 b	6	14,8 c	40	3115 b
42	44,3 c	6	112,3 c	29	50,9 b	34	94,1 b	35	17,4 c	5	1,5 b	12	3,3 a	18	3,0 a	6	54,3 b	33	14,7 c	38	3110 b
40	44,3 c	10	110,7 d	32	50,2 b	21	93,3 b	19	17,2 c	1	1,5 b	8	3,3 a	17	3,0 a	25	54,0 b	15	14,7 c	17	3106 b
11	44,0 c	42	110,0 d	24	49,7 b	6	93,1 b	27	16,9 c	40	1,3 b	7	3,3 a	8	3,0 a	3	54,0 b	21	14,6 c	28	3077 b
25	43,6 c	32	110,0 d	40	49,7 b	17	91,6 c	10	16,3 c	39	1,3 b	3	3,3 a	40	2,7 a	7	53,9 b	26	14,5 c	4	3015 b
3	43,6 c	29	110,0 d	25	49,5 b	2	90,6 c	39	16,2 c	32	1,3 b	2	3,3 a	22	2,7 a	23	51,7 b	16	14,2 c	9	2989 b
36	43,3 c	37	109,6 d	3	48,3 b	33	90,0 c	12	16,2 c	27	1,3 b	1	3,3 a	36	2,4 b	22	51,3 b	39	14,1 c	10	2954 b
28	43,0 c	11	109,3 d	28	47,7 b	11	89,7 c	16	16,0 c	22	1,3 b	23	3,0 a	29	2,4 b	27	51,3 b	38	14,0 c	39	2930 b
41	42,6 c	7	109,3 d	34	43,0 c	10	88,6 c	6	16,0 c	21	1,3 b	18	3,0 a	9	2,4 b	42	50,6 b	13	13,9 c	32	2929 b
32	42,6 c	30	109,0 d	35	42,5 c	27	81,7 d	4	16,0 c	11	1,3 b	15	3,0 a	10	2,3 b	34	50,4 b	18	13,8 d	1	2928 b
39	42,3 c	21	109,0 d	31	42,1 c	15	80,9 d	5	15,5 c	10	1,3 b	13	3,0 a	26	2,2 b	15	48,7 b	37	13,7 d	3	2894 b
30	41,3 c	31	108,0 d	37	41,9 c	23	79,8 d	2	15,3 c	8	1,3 b	5	3,0 a	42	1,9 b	32	48,4 b	36	13,6 d	16	2852 b
8	41,3 c	35	107,6 d	33	41,5 c	9	79,0 d	8	15,1 c	6	1,3 b	4	3,0 a	43	1,6 b	1	44,5 b	19	13,4 d	41	2835 b
37	40,0 d	28	107,6 d	42	40,5 c	5	77,8 d	31	14,7 c	4	1,3 b	43	2,9 a	38	1,6 b	43	44,1 b	12	13,1 d	35	2668 b
27	39,3 d	39	106,0 d	27	40,4 c	35	71,9 d	9	14,7 c	41	1,0 b	37	2,9 a	28	1,6 b	9	43,2 b	2	12,9 d	33	2560 b
31	38,6 d	27	106,0 d	41	39,2 c	39	71,8 d	36	14,3 c	36	1,0 b	19	2,9 a	3	1,6 b	37	43,0 b	17	12,5 e	27	2556 b
33	38,0 d	33	105,3 d	36	38,9 c	31	70,7 d	13	13,6 c	33	1,0 b	30	2,6 a	32	0,8 c	33	41,2 b	5	12,1 d	24	2511 b
34	37,0 d	34	105,0 d	10	38,6 c	30	70,1 d	20	13,2 c	26	1,0 b	20	2,6 a	33	0,0 c	28	40,4 b	4	11,9 e	29	2511 b
10	37,0 d	40	103,6 d	30	37,4 c	40	69,9 d	30	11,5 c	23	1,0 b	9	2,6 a	37	0,0 c	10	38,8 b	20	11,8 e	43	2380 b

*Médias seguidas pela mesma letra foram agrupadas estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste Scott-Knott. Id: número de identificação JAB do genótipo; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agrônômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 grãos sementes; PG: produtividade de grão sementes; ¹ dados transformados para \sqrt{x} ; ² dados transformados para $\sqrt{x+0.5}$.

O número de vagens (NV) faz parte do grupo de componentes do rendimento, pois interfere diretamente no peso final das parcelas. Pela Tabela 3, foram observados valores de 38,8 (10) a 100,8 (19), sendo verificada a formação de apenas dois grupos pelo teste de Scott Knott. Segundo Câmara (1998), uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, mas em média as cultivares brasileiras apresenta de 30 a 80 vagens por planta.

Para a característica peso de cem sementes (P100), verificou-se a formação de cinco grupos pelo teste de Scott Knott, e valores entre 11,8 (20) a 19,3 gramas (35). Os genótipos 35, 23, 28 e 27 apresentaram os maiores valores para esta característica. Por sua vez, os genótipos 20, 4, 5 e 17 apresentaram os menores valores.

A característica mais buscada nos programas de melhoramento, sem dúvida, é a produtividade de grãos (PG), mas em função da complexidade deste caráter, seu aumento torna-se dificultado. Para este estudo foram encontrados valores de produtividade de grãos variando de 2.380 (43) a 4.850 Kg.ha⁻¹ (19), com média de 3275 kg.ha⁻¹, demonstrando bom desempenho dos genótipos, pois, este valor é superior à média do estado do Mato Grosso (3.130 Kg.ha⁻¹) e também a média para o Estado de São Paulo (2.744 kg.ha⁻¹) no ano agrícola 2011/2012 (CONAB, 2012).

O teste de Scott-Knott para a produtividade separou as médias em dois grupos, sendo que 14 genótipos obtiveram os melhores rendimentos e foram estatisticamente superiores as testemunhas V-MAX (10), BRSMG 850GRR (12), NA 7337 (36) e BRSMG 740SRR (43). Dos 14 genótipos que se destacaram apenas os genótipos 31, 21, 30, 5, 11 e 7, obtiveram notas baixas para Acamamento e valores adequados para Altura de plantas na maturidade, conforme recomendado pela literatura (MARQUES, 2010).

As medidas de dissimilaridade foram estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis, sendo observados valores de 3,96 a 90,34 (Tabela 4). Dissimilaridade semelhante foi obtida por Bekele, Alemaw e Zeleke (2012), onde, analisando 49 genótipos de soja e 17 características, constataram resultados semelhantes a este trabalho. Por outro lado, as distâncias foram superiores aos valores obtidos por Rigon et al. (2012), que analisaram a dissimilaridade entre cultivares de soja e verificaram distâncias variando de 0,8 a 53,00. Os genótipos que

obtiveram maiores distâncias foram: 19 e 27 (90,35); 19 e 35 (89,61) e por fim 35 e 37 (87,17). Entre estes pares de genótipos, o 19 e o 37 se destacaram em termos de produtividade de grãos, e os genótipos 37, 27 e 35 apresentaram menor número de dias para maturidade.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética indicou que o peso de 100 sementes (18,86), seguidos pela altura de planta na maturidade (14,60) e número de dias para floração (14,08) foram os que mais contribuíram para a divergência genética entre os 43 genótipos de soja estudados (Tabela 5). Estes resultados concordam com Carpentieri-Pípolo et al. (2000) que, estudando 34 linhagens de soja e 12 características agronômicas, verificaram que o peso de cem sementes e a altura de plantas na maturidade, foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética. Estes resultados também concordam com os obtidos por Almeida et al. (2011) que, analisando um grupo de genótipos, verificaram que a altura de plantas na maturidade também foi uma das características que mais contribuiu para o estudo da diversidade genética.

Tabela 5. Contribuição relativa de onze caracteres agrônômicos para o estudo de diversidade genética em 43 genótipos de soja, segundo o critério de Singh (1981)

Caracteres	S.j	Valor em %
P100	5732,72	18,86
APM	4440,24	14,60
NDF	4281,09	14,08
NDM	2976,30	9,79
AIV	2710,00	8,91
PG	2363,25	7,77
NR	2222,37	7,31
APF	2155,65	7,09
Ac	1565,34	5,15
NV	1209,03	3,97
VA	737,14	2,42

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção de primeira vagem; Ac: acamamento; VA: valor agrônômico; NR: número de ramos; NV: Número de vagens; P100: peso de 100 sementes; PG: produtividade de grãos.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 6), baseado na matriz de Mahalanobis, separou os 43 genótipos em 17 grupos. A formação destes grupos demonstra boa variabilidade genética entre os genótipos estudados. Mulato (2009), estudando a diversidade genética entre acessos de soja originários de diversas regiões do mundo através de caracteres agro morfológicos, verificou a formação de 20 grupos pelo método de agrupamento de Tocher. Em trabalho realizado por Destro et al., (1999) com 104 genótipos de soja, foi verificada a formação de apenas 7 grupos. Neste trabalho, dos 17 grupos formados, 8 deles (10, 11, 12, 13, 14, 15, 16 e 17) foram constituídos apenas por 1 genótipo. Os grupos 1 e 2 foram os que reuniram o maior número de genótipos, sendo constituído por 9 e 8 genótipos, respectivamente.

Tabela 6. Agrupamento entre 43 genótipos de soja, obtidos pelo método de Tocher com base em 11 caracteres, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupo	Genótipos									
1	6	11	14	7	1	21	13	26	38	
2	17	18	12	2	16	20	5	4		
3	30	31	40							
4	10	34	27							
5	25	42								
6	23	35	28	9						
7	29	32								
8	3	8								
9	36	41								
10	33									
11	24									
12	39									
13	37									
14	15									
15	19									
16	22									
17	43									

O dendrograma (Figura 1) representa o agrupamento pelo método de Ward dos 43 genótipos de soja a partir da distância generalizada de Mahalanobis. O corte no dendrograma foi efetuado à aproximadamente 11%, ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível (CRUZ, 1990). Com isso, foi verificada a formação de 10 grupos, sendo que o grupo III ficou com 2 indivíduos e os grupos II e X englobaram 6 indivíduos.

O grupo I foi constituído pelos genótipos 13, 5, 20 e 4. De acordo com a Tabela 2, estes genótipos, apresentaram menor altura de inserção de 1ª vagem. O grupo 2 foi formado pelos genótipos 19, 16, 18, 17, 12 e 2, e estes através do teste de Scott Knott, se agruparam entre os genótipos que apresentaram o maior número de vagens.

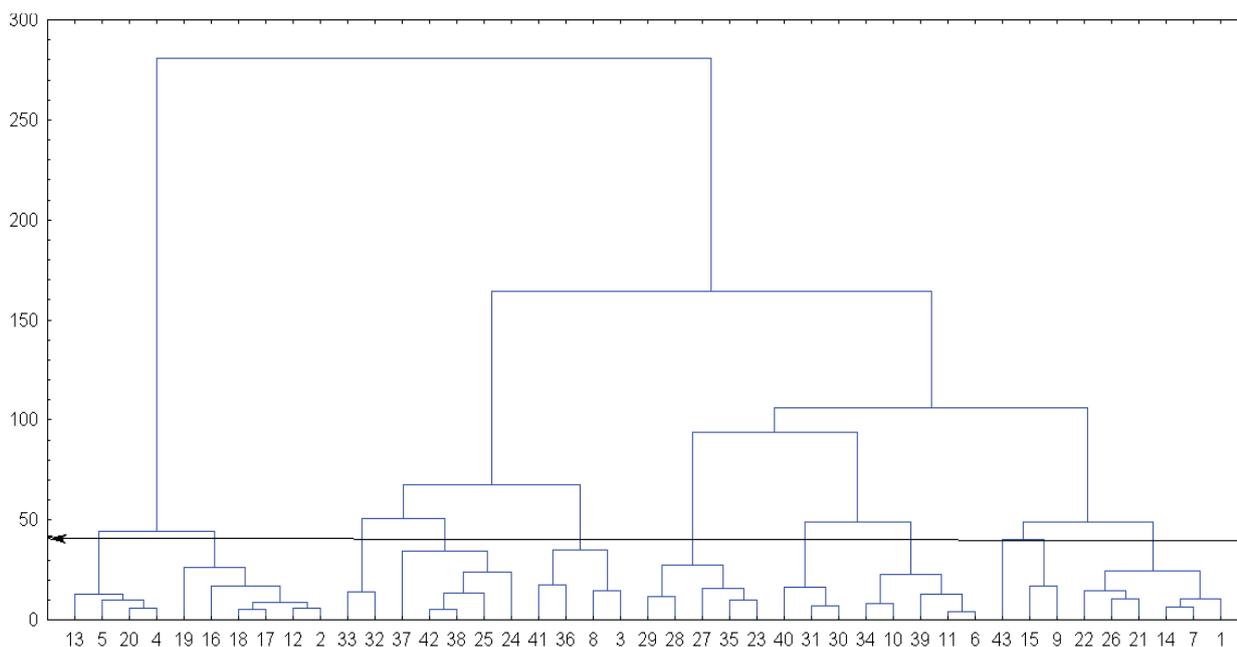


Figura 1. Dendrograma obtido entre 43 genótipos de soja, pelo método de agrupamento de Ward, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

O grupo III foi formado apenas por dois genótipos (33 e 32), que também foram agrupados pelo teste de Scott Knott e apresentaram os menores valores para Número de ramos, dentre os genótipos estudados. Por sua vez, o grupo VI foi constituído pelos genótipos 29, 28, 27, 35, e 23 sendo que os 4 últimos, ficaram agrupados pelo teste de Skott Knott com os genótipos que obtiveram os maiores pesos de 100 sementes.

O grupo VII foi formado pelos genótipos 40, 31 e 30 e apresentaram menor número de dias para a maturidade (Tabela 2). Além disso, os genótipos 30 e 31 estão entre os genótipos com alto rendimento de grãos. Já o grupo X foi constituído pelos genótipos 22, 26, 21, 14, 7 e 1, sendo que destes, os 4 primeiros, apresentaram as maiores produtividades de grãos, ficando agrupados também pelo teste de Skott Knott, com os demais que apresentaram altos rendimentos. É relevante ressaltar que dentre todos os grupos formados, este último foi constituído por maior número de indivíduos que apresentaram as melhores produtividades de grãos. Em função da formação dos grupos (Ward) é possível recomendar hibridações entre os grupos VII e X, pois além da distância entre os grupos, estes

genótipos possuem características altamente atrativas para o sistema produtivo da soja, como precocidade e rendimento de grãos.

Em relação à ferrugem asiática, verificou-se que dos 10 grupos obtidos por Ward, apenas os grupos I, II e III foram constituídos por todos os indivíduos com fonte de resistência a ferrugem. Já o grupo VII, não abrangeu nenhum genótipo com fonte de resistência, e os demais grupos foram constituídos por genótipos com e sem fonte de resistência a ferrugem asiática da soja.

4. CONCLUSÕES

Em geral os genótipos de soja, apresentaram bom desempenho agrônômico na safra 2011/2012 em Jaboticabal-SP, com destaque para os genótipos 31, 21, 30, 11 e 7.

Foi verificada boa variabilidade genética entre os genótipos de soja, sendo que os mesmos se distribuíram em 17 grupos pelo método de agrupamento de Tocher e em 10 grupos pelo método de Ward.

Os caracteres Peso de 100 sementes, Altura de plantas na maturidade e Número de dias para florescimento, foram os que mais contribuíram para a divergência genética neste grupo de genótipos avaliados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ARIAS, C.A.A.; RACHID, B.F.; MOREIRA, J.U.V.; SOARES, R.M.; OLIVEIRA, M.F.; KASTER, M.; CARNEIRO, G.E.S.; CARRÃO-PANIZZI, M.C.; PEREIRA, M.J.Z.; MELO FILHO, O.L.; FARIAS NETO, A.L.; ABDELNOOR, R.V.; BROGIN, M. R.L.; FRONZA, V.; BERTAGNOLLI, P. Desenvolvimento de cultivares de soja resistentes à Ferrugem Asiática. In: Reunião de pesquisa de soja da região central do Brasil, 31., 2010, Brasília. **Ata**. Londrina: Embrapa Soja, 2010. p.71-79. (Embrapa Soja. Documentos, 324).

BEKELE, A.; ALEMAW, G.; ZELEKE, H. Genetic divergence among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) introductions in Ethiopia based on agronomic traits. **Journal Of Biology, Agriculture And Healthcare**, Nigéria, v. 2, n. 6, p.6-13, 2002.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; PIPLOLO, A. E.; SILVA, F. A. M.; PETEKE, M. R. Soybean parent selection based on genetic diversity. **Braz. arch. biol. technol.** (43) **3**:295-300, 2000.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_12_10_09_57_53_sojasereihist.xls>. Acesso em: 6 dez. 2012.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F.; M.; PESSONI, L.; A. Diversidade genética - Importância. In: CRUZ, C.; D.; FERREIRA, F.; M.; PESSONI, L.; A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema, 2011. p. 2-28.

CRUZ, C. D. **Programa GENES** - Aplicativo computacional em genética e estatística. Disponível em: <www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>. Versão Windows 7, 2007.

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

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil – 2012 e 2013**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2011. 261p.

FEHR, W. P.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Agriculture and Home Economics Experiment Station and Cooperative Extension Service. Ames: Iowa State University, 1977. 11p. (Special Report 80)

JULLIATI, F. C.; POLIZEL, A. C.; BALARDIN, R. S.; VALE, F. X. R. Ferrugem da soja – Epidemiologia e manejo para uma doença reemergente. **Revisão Anual de Patologia de plantas**. Passo Fundo, v.13 p.351-395, 2005.

LI, S.; SMITH, J. R.; RAY, J. D.; FREDERICK, R. D. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI 567102B. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, online first, 28 de fevereiro de 2012. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/0330681857h0q628/>>. Acesso em: 12 de fevereiro de 2013.

MARQUES, M.; C. **Adaptabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia**. 2010. 84 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

MULATO, B.; M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, ETS-SSR e caracteres agromorfológicos**. 2009. 86 f. Dissertação (Mestrado) - Esalq, Piracicaba, 2009.

NAVARRO JÚNIOR, H.; M.; COSTA, J.; A. Expressão do potencial de rendimento de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.275-279, 2002.

PIMENTEL-GOMES, F. P.; GARCIA, C.; H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: Exposição com Exemplos e Orientações para Uso de Aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

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

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. de; BARROS, H. B. Princípios de tecnologia de Alimentos: Métodos de conservação de Alimentos. In: SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina- Paraná: Mecenias, 2009. Cap. 8, p. 77-92.
SILVA, V. A. S.; JULIATTI, F. C.; SILVA, L. A. S. Interação entre resistência genética parcial e fungicidas no controle da ferrugem asiática da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, p. 1261-1268, 2007.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, 41:237-245, 1981.

STATSOFT, Inc. (2004). STATISTICA (data analysis software system), version 7.

YORINORI, J.; T.; Paiva, W.; M.; FREDERICK.; R.; D.; COSTAMILAN, L.; M.; BERTAGNOLLI, P.; F.; HARTMAN G.; E. GODOY.; C.; V.; NUNES JUNIOR, J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease** 89:p.675-677. 2005.

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Em geral os genótipos obtiveram bom desempenho no município de Jaboticabal-SP na safra 2011/2012, apresentando características importantes tais como: precocidade e alto rendimento de grãos.

A presença de variabilidade genética determinada através de caracterização fenotípica permitiu a identificação de combinações superiores e promissoras. O aumento do número de genitores não foi determinante para o aumento da diversidade genética entre as linhagens, bem como não foi o fator responsável pelo agrupamento ou não dos genótipos analisados. Dentre as características consideradas, o peso de 100 sementes foi a que mais contribuiu para a diversidade genética entre os genótipos estudados.

Com o surgimento de doenças como a ferrugem asiática da soja, os estudos recentes apontam para um aumento crescente na base genética da soja em função da realização de novos cruzamentos, e com isso, a inserção de novo grupo de acessos como genitores, em busca de genótipos resistentes. O estudo de diversidade genética entre genótipos portadores de genes de resistência à ferrugem asiática é importante no sentido de direcionamento dos cruzamentos entre genótipos que possuem genes que conferem a resistência genética, além de serem oriundos de diferentes fontes.