Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja

Iradenia da Silva Sousa

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2015

Iradenia da Silva Sousa
Bacharel em Ciências Biológicas

Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja

Orientador:
Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2015

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP

Sousa, Iradenia da Silva
Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja / Iradenia da Silva Sousa. - - Piracicaba, 2015.
178 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Glycine max* 2. *Phakopsora pachyrhizi* 3.Ferrugem asiática da soja 4. Manejos de doenças com fungicidas 5. Método de Eberhart e Russel 6. Método AMMI I. Título

CDD 633.34
S725c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Aos meus pais, Elizabeth e Francisco, aos meus irmãos Marta, Francisco, Juniel e Iraildes, aos meus sobrinhos, Gabriel e Marcos Pierre e ao meu namorado, Carlos, pelo amor, amizade, apoio e incentivo ao longo desse tempo de estudo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por estar sempre ao meu lado e me levar aos melhores caminhos.

Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela orientação e ensinamentos.

À Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Genética e Programa de Pós-Graduação em “Genética e Melhoramento de Plantas”, pela oportunidade de realização do doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelas concessões das bolsas de estudos e pelo financiamento das pesquisas, respectivamente nos períodos de 08/2011 a 05/2014 e 06/2014 a 07/2015.

Ao Dr. Francisco Rodrigues Freire Filho pela paciência, ensinamentos e grande apoio durante o curso de mestrado, pelo incentivo, amizade e pelo exemplo profissional.

Ao meu irmão Juniel da Silva Sousa pelo incentivo, amizade e apoio durante o doutorado e por estar sempre comigo em todos os momentos desta etapa e de outras.

Ao Prof. Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias pelo auxílio nas análises estatísticas.

Aos técnicos do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA), Marcos Custódio Nekatschalow, Claudinei Antonio Didoné e Antonio Roberto Cogo pela amizade e auxílio na condução das pesquisas.

Aos amigos do SGAEA, José Ribamar Assunção Filho e Nelson Enrique Casas-Leal pelo auxílio na condução dos experimentos em campo e pela amizade e a Renato Sérgio Batista Carvalho, Philip Traldi Wysmierski, Marcelo Cunha Marques, Felipe

Maniero Nazato, Fernando Garcia Espolador, Gabriela Antônia de Freitas Rocha e Fernanda Aparecida Castro Pereira pela amizade.

Ao meu amigo Wellington Ferreira do Nascimento pelo apoio prestado no início da minha estadia em Piracicaba e pela amizade.

Digno és Senhor, de receber alegria,
e honra, e poder; porque tu criaste todas as
coisas, e por tua vontade são e
foram criadas.”

Apocalipse 4:11

SUMÁRIO

RESUMO.....11
ABSTRACT 13
1 INTRODUÇÃO 15
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 17
2.1 Aspectos gerais da soja 17
2.2 Caracterização agromorfológica.....18
2.3 Interação genótipos x ambientes.....20
2.4 Adaptabilidade e estabilidade.....21
2.5 Divergência genética 24
2.5.1 Dissimilaridade genética.....25
2.5.2 Análise de agrupamento.....25
2.6 Divergência genética da soja 27
3 MATERIAIS E MÉTODOS.....31
3.2 Materiais genéticos 33
3.3 Delineamento experimental.....34
3.4 Avaliação dos caracteres agronômicos.....37
3.5 Análises estatísticas.....40
3.5.1 Normalidade dos dados experimentais 40
3.5.2 Análise de variância para as testemunhas 40
3.5.3 Análise para caracterização agromorfológica.....42
3.5.3.1 Análise de variância individual 42
3.5.3.2 Análise de variância conjunta.....43
3.5.3.3 Agrupamento de médias das populações 44
3.5.4 Interação genótipos x ambientes.....44
3.5.4.1 Análise de variâncias individuais e conjuntas.....44
3.5.4.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade 46
3.5.4.2.1 Método de Eberhart e Russel (1966).....47
3.5.4.2.2 Método AMMI 50
3.5.5 Análise de divergência genética.....51
3.5.5.1 Padronização dos dados.....53
3.5.5.2 Matrizes de distância.....53
3.5.5.3 Método de agrupamento 54
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....57

4.1 Caracterização agromorfológica 58
4.2 Interação genótipos x ambientes 77
4.2.1 Aspectos gerais 77
4.2.2 Análises de variância para as testemunhas 77
4.2.3 Análises de variância do ano agrícola 2007/08 79
4.2.4 Análises de variância do ano agrícola 2008/09 81
4.2.5 Análises de variância do ano agrícola 2009/10 85
4.2.6 Análises de variância do ano agrícola 2010/11 87
4.2.7 Análises de variância do ano agrícola 2011/12 91
4.2.8 Análises conjunta para os cinco anos agrícolas 94
4.3 Adaptabilidade e estabilidade 98
4.3.1 Método de Eberhart e Russel 98
4.3.2 MétodoAMMI 102
4.4 Análise de divergência por meio do método de otimização de Tocher 108
4.4.1 Agrupamento considerando os experimentos com manejo FAS 108
4.4.2 Agrupamento considerando os experimentos com manejo DFC 121
4.4.3 Agrupamento considerando a combinação de experimentos dos dois manejos (FAS + DFC) 133
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS 149
6 CONCLUSÕES 153
REFERÊNCIAS 155
ANEXOS 171

RESUMO

Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja

Este trabalho objetivou caracterizar e estimar a adaptabilidade e a estabilidade de 24 populações e quantificar a divergência genética entre 480 (20 linhagens x 24 populações) linhagens de soja, por meio de caracteres agromorfológicos. Os experimentos foram conduzidos em três locais (Anhumas, Areão e ESALQ), localizados no município de Piracicaba – SP. Nos anos agrícolas 2007/08, 2008/09, 2009/10 e 2011/12 foram realizados dois experimentos por ano, delineados em blocos ao acaso e constituídos por repetições estratificadas em dois conjuntos experimentais, formados por 12 populações e duas testemunhas comuns (BRS 133 e Monsoy 8001 ou Conquista). Em 2011/12, de cada uma das 24 populações, foram colhidas, trilhadas e pesadas as sementes de 36 plantas individuais; a seguir, foram selecionadas as 20 plantas (linhagens $F_{15:16}$) mais produtivas para compor os experimentos de 2012/13; em 2013/14, foram avaliadas as linhagens $F_{15:17}$; foram realizados dois experimentos por ano, no delineamento de blocos aumentados de Federer, estratificando-se as 480 linhagens em 24 conjuntos experimentais; cada conjunto recebeu as 20 linhagens de uma dada população, mais as duas testemunhas comuns (BRS 133 e Monsoy 8001), totalizando 22 parcelas. Em todos os anos agrícolas foram conduzidos dois experimentos vizinhos, um com manejo FAS, que recebeu aplicações sucessivas de fungicidas para controle da ferrugem asiática e outras doenças de fim de ciclo (DFC); e, outro experimento com manejo DFC, no qual foram feitas aplicações de um fungicida que controla as DFC, exceto a ferrugem. Vinte caracteres agromorfológicos foram avaliados e também foram estimadas as taxas de reação à ferrugem baseada na produtividade de grãos (FP) e no tamanho das sementes (FT, representado pelo peso de cem sementes); FP e FT foram estimadas para cada genótipo, calculando-se a diferença entre as médias ajustadas nos manejos DFC e FAS, dividindo-se pela média DFC e multiplicando por 100. Para a análise de adaptabilidade e estabilidade, foram utilizados os métodos de Eberhart e Russel e AMMI. No estudo de divergência genética foi usada a distância Euclidiana Média, e os agrupamentos foram obtidos pelo Método de Tocher. Com exceção da cor do tegumento, uniformemente amarelo, foi observada variabilidade genética para todos os demais 19 caracteres, incluindo-se as FP e FT. A população USP 98-13.009 (P21) destacou-se por apresentar médias relativamente altas para produtividade de grãos e para peso de cem sementes e níveis satisfatórios de tolerância à ferrugem. As metodologias Eberhart & Russel e AMMI foram capazes de identificar populações comuns, com médias elevadas para produtividade de grãos, com estabilidade de produtividade e adaptadas aos 16 ambientes em estudo. Os ambientes, principalmente os locais, foram bem distinguidos pela metodologia AMMI. Na análise de divergência, a variabilidade genética, permitiu a observação de linhagens dissimilares. Foram observados diferentes tipos de agrupamento para os experimentos com manejo de doenças (manejos FAS, DFC e combinação FAS + DFC), o que pode ser explicado pela interação genótipos x anos. O agrupamento realizado com os dados obtidos nos experimentos combinados dos manejos (FAS + DFC) foi o mais conciso e adequado com a dissimilaridade entre as linhagens.

Palavras-chave: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Ferrugem asiática da soja; Manejos de doenças com fungicidas; Método de Eberhart e Russel; Método AMMI

ABSTRACT

Agromorphological characterization, adaptability and stability of populations and genetic divergence among lines of soybean

This work aimed to characterize and to estimate adaptability and stability of 24 populations, besides to quantify the genetic divergence between 480 (20 lines x 24 populations) lines of soybean, through agromorphological characters. The experiments were conducted in three locations (Anhumas, Areão, ESALQ), located in Piracicaba - SP. In the crop years 2007/08, 2008/09, 2009/10 and 2011/12, were performed two experiments per year in randomized complete block design, consisting of replications stratified in two experimental sets, constituted by 12 populations and two common checks (BRS 133 and Monsoy 8001 or Conquista). In 2011/12, in each of the 24 populations were harvested, trashed and weighted the seeds of 36 individual plants; then, the most productive 20 plants were selected for obtaining $F_{15:16}$ lines and composing the experiments of 2012/13; in 2013/14, were evaluated the $F_{15:17}$ lines. There were conducted two experiments per year designed in augmented block of Federer, by stratifying the 480 soybean lines in 24 experimental sets. Each set consisted of 20 lines of a given population and two common checks (BRS 133 and Monsoy 8001), totaling 22 plots. In each year, there were conducted two experiments, one with FAS management which received successive applications of fungicides for controlling the Asian soybean rust and other late season leaf diseases (DFC); the other experiment received the DFC management in which it was made applications of a fungicide to control the DFC, except rust. Twenty agromorphological characters were evaluated and also estimated the rate of reaction to rust based on seed yield (FP) and seed size (FT, represented by the weight of one hundred seeds or PCS); FP and FT were estimated for each genotype, by calculating the difference between the adjusted means in DFC and FAS managements, dividing by DFC mean and multiplying by 100. For the analysis of adaptability and stability were used Eberhart & Russell and AMMI methods. In the study of genetic divergence was used the Average Mean Euclidean distance, and the clusters was obtained by Tocher method. With exception of color of seed coat, with an uniform yellow color, it was observed genetic variability for the other 19 traits, including FP and FT. The USP 98-13.009 (P21) population highlighted by present relatively high averages for seed yield and weight of one hundred seeds, besides the satisfactory levels of rust tolerance. Both methodologies, Eberhart & Russell and AMMI, were able to identify common populations with high means of seed yield, yield stability and adaptation to of the 16 environments in study. The environments, mainly locations, were well distinguished by the AMMI methodology. In the divergence analysis, the genetic variability allowed the observation of dissimilar lines. Different types of clusters were observed for disease managements (FAS, DFC, and FAS + DFC) which could be explained by the genotypes x years interaction. The grouping performed with the combination FAS + DFC data was the more concise and appropriate to estimate the dissimilarity among lines.

Keywords: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Asian soybean rust; Disease managements with fungicides; Method of Eberhart and Russel; Method AMMI

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill.; 2n=40) é uma das leguminosas mais importantes, devido aos seus produtos (complexo soja: grãos, farelo e óleo) que servem como alimentação animal e humana. Seus grãos são ricos em proteína (cerca de 40%) e óleo (aproximadamente 20%) (RODRIGUES et al., 2010).

Por ser uma das oleaginosas mais cultivadas em todo o mundo, a soja conseguiu se destacar na economia mundial, sendo considerada a cultura que mais cresceu em área cultivada (crescimento de 52%) e importância nas últimas décadas (DEMARCHI, 2011). O Brasil é o segundo produtor mundial de soja, totalizando uma produção de 96,22 milhões de toneladas na safra 2014/15, com uma área cultivada de cerca de 31,91 milhões de hectares e produtividade média de 3.016kg ha^{-1} (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2015). Inicialmente cultivada na região Sul expandiu-se para outras regiões, alcançando mais recentemente os locais mais próximos da linha do equador (VASCONCELOS et al., 2006). Atualmente, a soja é cultivada em todas as regiões do país.

As pesquisas envolvendo a soja estão mais direcionadas à obtenção de cultivares adaptadas às diversas regiões de cultivo e que apresentem caracteres que possibilitem o aumento da produtividade. Para isso, é fundamental que os melhoristas disponham de variabilidade genética ampla, a qual pode ser obtida quando se utiliza genitores divergentes nas hibridações artificiais comumente realizada nos programas de melhoramento para obter populações segregantes. Tais populações têm sido submetidas a métodos de avaliação e de seleção de genótipos com caracteres superiores (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

O estudo de divergência genética pode auxiliar na escolha dos genitores a serem utilizados em hibridações artificiais, uma vez que cruzamentos entre genótipos provenientes de grupos geneticamente distintos são considerados mais promissores para originar descendentes superiores via recombinação genética e variação transgressiva (BENIN et al., 2002).

Umas das aplicações que pode ser obtida por meio da análise de divergência diz respeito à caracterização do germoplasma, pois, existem muitos genótipos sobre os quais não se tem conhecimento dos caracteres morfológicos e agronômicos e da dissimilaridade genética, informações estas fundamentais para os programas de melhoramento genético (VIEIRA et al., 2005).

As populações segregantes devem reunir média alta de produtividade e grande variabilidade genética (RAMALHO et al., 2012).

Uma cultivar de soja deve possuir estabilidade fenotípica e ter ampla adaptabilidade aos ambientes da região para a qual foi recomendada (ALMEIDA et al., 1999)**.** Com isso, tem sido fundamental realizar experimentos em vários locais e anos agrícolas, para que o efeito da interação genótipos x ambientes seja estimado e possa ser explorado. Tem sido indispensável desenvolver estudos detalhado da resposta de cada genótipo, visando-se à identificação daqueles com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições especifica e ampla (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nesse contexto, o objetivo geral da presente pesquisa foi avaliar o desempenho de populações e linhagens de soja desenvolvidas pelo programa de ampliação da base genética e melhoramento da soja do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA), do Departamento de Genética, ESALQ/USP. Os objetivos específicos foram: caracterizar e estimar a adaptabilidade e estabilidade de populações de soja, além de quantificar a divergência genética entre linhagens derivadas dessas populações, por meio de caracteres agromorfológicos, para fornecer informações que ajudarão na escolha de genitores para futuros programas de melhoramento de soja.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Aspectos gerais da soja

A soja é uma leguminosa pertencente à Ordem Fabales, Família Fabaceae, Subfamília Papilionideae, Gênero *Glycine* Willd e espécie *Glycine max* (L.) Merrill (CRONQUIST, 1988). A diversidade genética mais expressiva ocorre na Ásia, principalmente na China, tendo como mais provável centro primário de diversidade (centro de origem) a região ao longo do Vale do Rio Amarelo e como centro secundário (domesticação) a região da Manchúria (noroeste da China) (CHUNG; SINGH, 2008).

A *Glycine max* é uma espécie que apresenta variabilidade genética para grande número de caracteres morfológicos, os quais podem ser muito influenciados pelo ambiente (SEDIYAMA, 2009). Seu caule é do tipo herbáceo, ereto, pubescente e com hábito de crescimento morfológico diversificado, podendo ser determinado, indeterminado e semi-determinado. A altura da planta de soja pode variar de 0,3 a 2,0 metros (SEDIYAMA et al., 1985). Quanto ao ciclo há uma variação de 75 dias para as cultivares mais precoces a 200 dias para as mais tardias. As cultivares estão divididas em 13 grupos de maturação, variando de 000 a 10, quanto maior o número, mais próximo ao Equador será sua região de adaptação (ALLIPRANDINI et al., 2009). Dentro de cada grupo de maturação pode existir vários ciclos (número de dias entre a semeadura ou a emergência e a maturação plena ou estádio fenológico R_8): precoce, semi-precoce, médio, semi-tardio e tardio. Em condições normais de cultivo, o número de vagem pode atingir até 400 por planta, no entanto, as cultivares nacionais produzem em média de 30 a 80 vagens por planta (CÂMARA, 1998). O período de floração pode variar de acordo com o genótipo e ambiente, com florescimento em torno de três a mais de cinco semanas.

A soja é uma espécie essencialmente autógama, na corola encontram-se protegidos os órgãos masculinos e femininos, apresentando uma taxa de polinização cruzada baixa, menor que 1%, exibindo alguns fenômenos que podem favorecer a autofecundação, como por exemplo, a cleistogamia (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

As flores da soja são hermafroditas ou completas, portanto formadas por cálice, corola, androceu e gineceu. O fruto da soja é do tipo vagem, achatado, reto ou

pouco curvado, apresentando pubescência e deiscência. Cada vagem possui de uma a cinco sementes, no entanto, a maioria das cultivares apresentam plantas com vagens contendo três sementes.

A semente da soja é composta principalmente por dois cotilédones, eixo embrionário, tegumento (casca) e hilo. O tamanho das sementes é muito variável, sendo geralmente avaliado por meio do peso de cem sementes, que pode variar com as condições ambientais de cultivo, mas mais comumente apresenta-se entre oito e 40 gramas/100 sementes. De acordo com Vello (1992), Vello et al. (2004), Vello e Silva (2006) e Yokomizo, Duarte e Vello (2000), as cultivares brasileiras de soja tipo “commodity”ou tipo grão têm sementes de tamanho médio, ou seja, entre 10 e 20 g/100 sementes e média de 15 g/100 sementes, enquanto que a maioria das cultivares de soja tipo alimento podem ter sementes pequenas (< 10g/100 sementes) para consumo na forma de brotos e “nattô” ou sementes grandes (> 20g/100 sementes) para uso como soja hortaliça ou edamame ou “vegetable soybean”.

2.2 Caracterização agromorfológica

A caracterização agromorfológica permite quantificar a variabilidade genética em um conjunto de genótipos, possibilitando grandes avanços na descrição da divergência entre os genótipos em estudo, bem como definir os genótipos mais promissores e identificar caracteres que ajudem na separação dos mesmos. Portanto, possibilita um melhor manejo dos genótipos e também fornece subsídios para sua conservação e preservação.

A caracterização compreende a tomada de dados para descrever, identificar e diferenciar genótipos de uma mesma espécie (BURLE; OLIVEIRA, 2010). Segundo Freire, Morales e Batista (1999), avaliação pode ser definida como a descrição, sob determinadas condições do ambiente, de caracteres de valor agronômico e influenciáveis por fatores bióticos e abióticos.

A caracterização morfológica é realizada por meio de observações (variáveis qualitativas) ou mensurações (variáveis quantitativas) de vários caracteres morfológicos facilmente visíveis ou mensuráveis, denominados descritores morfológicos e que a princípio podem ser expressos em todos os ambientes (BURLE; OLIVEIRA, 2010). Os caracteres agronômicos podem fornecer informações sobre o desempenho agronômico de uma espécie, tais como os caracteres

quantitativos: vigor vegetativo, produtividade, época de florescimento, tamanho do fruto, entre outros (MELO, 2011). Com isso, a denominação caracterização agromorfológica deriva do fato de caracteres morfológicos e agronômicos serem coletados ao mesmo tempo. De acordo com a Lei de Proteção de Cultivares de número 9.456, sancionada em 25 de Abril de 1997, descritor “é a característica morfológica, fisiológica, bioquímica ou molecular que seja herdada geneticamente, utilizada na identificação de cultivar” (BRASIL, 1997). Os descritores mínimos recomendados para soja constituem-se de caracteres morfológicos, que são avaliados nas sementes, plântulas e plantas adultas. Existem 38 descritores de soja que são usados na caracterização de cultivares, os quais envolvem o ciclo vegetativo, o período entre a emergência e o florescimento e o ciclo total, da emergência à maturação (NOGUEIRA et al., 2008).

A caracterização agromorfológica tem sido tradicionalmente realizada por meio de descritores morfológicos, botânicos e genéticos, os quais podem individualizar fenotipicamente cada genótipo (RODRIGUES; ANDO, 2002). A caracterização agromorfológica da cultura da soja tem sido comumente realizada com base em descritores morfológicos e agronômicos.

Alguns trabalhos têm sido realizados sobre a caracterização agromorfológica em cultivares, populações e linhagens de soja. Vieira et al. (2009a) utilizou descritores morfológicos e bioquímicos de proteínas e enzimas para identificar dez cultivares de soja, com os marcadores morfológicos mostrando-se mais eficientes na caracterização e distinção dessas cultivares. Peric et al. (2014) com a finalidade de caracterizar oito cultivares de soja por meio de caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares observaram grande similaridade entre cultivares de uma mesma instituição e entre todas as cultivares avaliadas. Esses autores ainda relataram que os marcadores morfológicos podem fornecer informações para diferenciar os genótipos, mas os marcadores moleculares foram considerados superiores. Em estudo com soja, Menezes et al. (1997), caracterizaram 22 cultivares por meio de caracteres morfológicos das vagens e sementes deixaram evidente que os caracteres relacionados às vagens e sementes são úteis para distinguir cultivares de soja. Estudo realizado por Iqbal et al. (2010) para caracterização de 139 genótipos de soja por meio de caracteres morfológicos detectaram variabilidade entre genótipos. Com base em caracteres agronômicos para caracterizar e

selecionar linhagens de soja adequadas ao consumo humano, Perini (2012) detectou a existência de variabilidade entre as linhagens.

2.3 Interação genótipos x ambientes

Os caracteres quantitativos são controlados por muitos genes e, comumente, são altamente influenciados pelo ambiente. Após avaliar esses caracteres em pelo menos dois genótipos e dois ambientes, é possível estimar a interação genótipos x ambientes (G x E). Esta interação pode ser conceituada como a alteração na resposta relativa dos genótipos causada pelas diferenças ambientais (BORÉM; MIRANDA, 2013). Por ambiente, entende-se o resultado dos componentes biofísicos que alteram o desenvolvimento e o crescimento das plantas (SILVA et al., 2011). Ainda de acordo com estes autores, os ambientes podem ser locais, anos agrícolas, épocas de semeadura e cultivo, práticas culturais ou até mesmo todos esses fatores reunidos.

A interação G x E é resultante de vários fatores ambientais relacionados entre si e com a planta, resultando em alterações na produtividade e em outros caracteres agronômicos (PIRES et al., 2012). A interação G x E constitui-se em um dos principais desafios dos programas de melhoramento, tanto na fase de seleção quanto na de recomendação de cultivares (MARQUES et al., 2011), uma vez que a seleção pode ser dificultada pela presença da interação G x E, resultando em respostas variáveis dos genótipos sob diferentes condições de ambientes. Além de detectar a presença de interação também é necessário levar em consideração a sua natureza, que pode ser simples ou complexa (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A interação é dita simples, quando os genótipos apresentam a mesma a classificação ou ranqueamento nos diferentes ambientes. Por outro lado, quando os genótipos apresentam resposta não correlacionada, a interação é denominada complexa (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012) e ocorrem alterações na classificação relativa dos genótipos nos diferentes ambientes. Levando-se em consideração um maior número de ambientes e de genótipos, a presença da interação complexa indica que existem genótipos adaptados a ambientes específicos, e, também, genótipos com ampla adaptabilidade, mas não necessariamente, com potencial produtivo (RAMALHO et al., 2012); neste caso, torna-se possível e recomendável realizar o zoneamento agrícola dos genótipos nos ambientes.

Informações sobre como a variação ambiental que afeta o desempenho de cada genótipo são obtidas somente por meio de estimativas da interação (PEREIRA et al., 2009). No entanto, estudos relacionados à interação G x E não disponibilizam informações sobre a resposta de cada genótipo quando submetidos às variações ambientais. Para tanto, torna-se necessário, avaliar a sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e, ainda, fornecer subsídios que possibilitem adotar algum método para a sua minimização ou seu aproveitamento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para reduzir o impacto dos efeitos da interação G x E, pode-se identificar genótipos específicos para cada ambiente; ou estratificar os ambientes em grupos semelhantes, de modo que as interações passam a não ser significativas, ou identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica, esta última alternativa tem sido a mais aplicada (RAMALHO et al., 2012; VENCOVSKY; BARRIGA 1992). Em programas de melhoramento, para uma segurança no processo de seleção e recomendação de genótipos é recomendável avaliar as respostas dos genótipos em diferentes locais, anos agrícolas e épocas de semeadura e cultivo (PIRES et al., 2012).

Para explorar os efeitos positivos da interação G x E é necessário utilizar métodos estatísticos apropriado para captar tais informações (VASCONCELOS et al., 2010), o que pode ser obtido por meio de estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

2.4 Adaptabilidade e estabilidade

O estudo da adaptabilidade e estabilidade torna possível identificar genótipos com adaptação específica a um tipo de ambiente e de genótipos com ampla adaptação a diferentes ambientes, constituindo-se em importante parte dos programas de melhoramento (HOOGERHEIDE et al., 2007). Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) definiram adaptabilidade como a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente e estabilidade como a capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função do estímulo do ambiente.

O método de Eberhart e Russell (1966) é a metodologia mais comumente utilizada para o estudo de adaptabilidade e estabilidade em soja e na maioria das espécies cultivadas. Este método mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais e utiliza o modelo de regressão linear simples para classificá-los quanto à adaptabilidade e estabilidade a uma amostra de ambientes. O método considera como ideal, genótipos que apresentam alta produtividade média, coeficiente de regressão linear (β1i) igual a 1,0, e desvios da regressão ($\hat{\sigma}^2$di) próximos de zero. O método de Eberhart e Russell tem como principais vantagens a fácil interpretação e a capacidade de reduzir as interações complexas a um conjunto de genótipos com base nas suas respostas fenotípicas (CAVASSIM et al., 2013), além de identificar genótipos com adaptação a ambientes específicos (GRUNVALD et al., 2009). Caso seja necessário realizar seleção entre genótipos que apresentaram baixa estabilidade, o coeficiente de determinação pode ser utilizado como uma medida auxiliar, pois, este parâmetro mede a proporção da variação das médias dos genótipos nos ambientes que é explicada no modelo de regressão (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Uma técnica multivariada que vem sendo muito utilizada para um melhor entendimento das respostas genotípicas e também dos efeitos ambientais é o modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction). Esse método combina técnicas estatísticas, como análise de variância para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e análise de componentes principais para os efeitos multiplicativos (interação genótipos por ambientes) (GAUCH JÚNIOR; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008). Apesar de mais complexo, permite uma interpretação mais coerente da interação G x E (ANDRADE et al., 2013), identificar genótipos com ampla adaptabilidade e com alta produtividade, também realizar o zoneamento agronômico na recomendação de cultivares regionais, bem como auxiliar na escolha dos melhores locais para conduzir os experimentos (GAUCH JÚNIOR; ZOBEL, 1996).

O desdobramento da interação G x E realizado por meio de componentes principais, tem como finalidade captar em poucos componentes, até três, grande parte do padrão da variação (RAMALHO et al., 2012). O melhor seria que os primeiros componentes principais explicassem um percentual superior a 70% da variação da interação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). O método AMMI faz a decomposição da soma de quadrados da interação genótipos por ambientes (SQ_{GXE})

em uma porção denominada padrão e outra parte chamada ruído (variação não controlada), com os primeiros componentes retendo praticamente todo o padrão devido à interação (GAUCH JÚNIOR, 1988). A porção ruído é desprezada, enquanto a porção padrão proporciona a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, o que melhora a capacidade preditiva das respostas fenotípicas (OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003).

A representação por meio do gráfico *biplot* obtido pelo método AMMI permite determinar quais genótipos são mais adaptáveis e estáveis a certos ambientes (ROCHA et al., 2010). No *biplot* são representados, simultaneamente, os genótipos e ambientes, facilitando assim, a sumarização dos dados e a interpretação das relações de similaridade e complementaridade, entre e dentro de genótipos e de ambientes. O método tem tido sucesso no zoneamento agronômico e na escolha de locais a serem utilizados no processo de avaliação e seleção de cultivares de soja (YOKOMIZO et al., 2013).

Morais et al. (2003) avaliaram quatro cultivares de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade de produtividade em diferentes épocas de semeadura pelo método AMMI e, identificaram cultivares com adaptações específicas em diferentes épocas de semeadura. Maia et al. (2006) avaliaram linhagens de soja quanto à interação G x E (combinação de locais, anos e manejos para controle de insetos) e adaptabilidade e estabilidade, pelo método AMMI, identificando linhagens estáveis e produtivas, além de ambientes com alta e baixa estabilidade. Ascencio-Luciano et al. (2013) pelo método AMMI conseguiram detectar genótipos com alto potencial produtivo a todas as condições de cultivo no sul de Tamaulipas, México. Cavassim et al. (2013) ao avaliarem genótipos quanto à estabilidade e adaptabilidade quanto ao número de dias para o florescimento e maturidade, período de dias reprodutivo, relataram que o método AMMI foi eficaz na identificação de genótipos estáveis. Gurmu et al. (2009) conseguiram determinar genótipos estáveis para a produtividade de grãos, teor de óleo e proteína em diferentes condições ambientais na Etiópia, por meio do método AMMI. Outros autores também utilizaram o método AMMI para avaliar a adaptabilidade e estabilidade em soja: Polizel et al. (2013), Tukamuhabwa et al. (2012), Vicente, Pinto e Scapim (2004), Yokomizo et al. (2013). Todos estes trabalhos identificaram genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica e genótipos com adaptações específicas para os caracteres estudados, além de classificar os ambientes.

2.5 Divergência genética

A variabilidade pode ser obtida por meio de cruzamentos entre genótipos superiores e divergentes para formar a população-base (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A seleção de genitores divergentes e as melhores combinações entre os genitores, é essencial para gerar populações com máxima variabilidade genética (MOE; GIRDTHAI, 2013) e obter combinações favoráveis dos genes e alelos de interesse (BARBIERI et al., 2005). Em razão das várias possibilidades de combinações, a escolha dos genitores deve ser a mais favorável possível. Para isso, torna-se necessário realizar estudos sobre caracterização e divergência genética entre os genótipos.

O estudo da diversidade genética é utilizado para quantificar a variabilidade disponível em um programa de melhoramento, bem como sua distribuição entre ou dentro de uma amostra, representadas por indivíduos, acessos de bancos de germoplasma, linhagens, cultivares, populações ou espécies (BOLDT, 2011).

A análise de divergência genética permite identificar as melhores combinações híbridas entre os genitores, identificar conjuntos gênicos com maior variabilidade e disponibilizar cruzamentos para a obtenção de genótipos superiores (VILLELA, 2013). A hibridação é uma técnica que tem sido utilizada para ampliar a variabilidade genética em soja e outras espécies, com a finalidade de obtenção de genótipos que apresentem expressões mais favoráveis dos caracteres. Nas espécies em que os híbridos são os produtos comerciais, a hibridação é usada para gerar os híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Ao se fazer uma análise da divergência genética de uma população pode-se utilizar caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares, os quais são submetidos às técnicas multivariadas, baseada na quantificação da heterose, ou à processos preditivos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Análise de divergência genética tem sido realizada com base em caracteres fenotípicos em soja (PELUZIO et al., 2012; SALIMI et al., 2012; VILLELA et al., 2014). Com relação ao estudo da análise de divergência com base em processos preditivos, tem-se observado um aumento no uso de técnicas multivariadas para quantificação da divergência genética, pois permitem considerar simultaneamente vários caracteres (SUDRÉ et

al., 2005), sem a necessidade de obtenção prévia das combinações híbridas. Entre essas técnicas podem ser citados a análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A aplicação dos métodos aglomerativos, os mais utilizados entre os métodos hierárquicos, dependem das medidas de dissimilaridade, o que os diferencia dos demais.

No estudo de divergência genética realizado por meio dos métodos de agrupamentos, deve-se primeiro, determinar a matriz de similaridade entre os genótipos, e em seguida aplicar um método de agrupamento para a formação dos grupos.

2.5.1 Dissimilaridade genética

A distância genética pode fornecer informações sobre a caracterização, conservação e utilização de materiais genéticos disponíveis em programas de melhoramento. Os caracteres agromorfológicos são bastante utilizados no estudo da diversidade genética (FERREIRA JÚNIOR et al., 2015). Para o estudo de diversidade genética têm sido utilizadas com maior sucesso, as medidas de dissimilaridade baseadas na distância generalizada de Mahalanobis e na distância Euclidiana.

A distância de Mahalanobis tem sido a mais utilizada, sendo possível de ser obtida apenas quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais estimadas a partir de experimentos com repetições (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A distância de Mahalanobis difere da distância Euclidiana por considerar as correlações entre os caracteres. Para a distância Euclidiana não há necessidade de experimentos com delineamentos experimentais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.5.2 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento visa reunir os genitores em grupos, de modo que exista o máximo de homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (HAIR et al., 2009). Vários métodos de agrupamento podem ser utilizados, os quais são diferenciados pelo tipo de resultado a ser obtido e pelas formas de como é

estabelecida a proximidade entre um ou mais grupo já formados (VASCONCELOS et al., 2007).

Dentre os métodos de agrupamento mais utilizados pelos melhoristas destacam-se os métodos hierárquicos e os de otimização. Os hierárquicos são os mais utilizados, produzindo um gráfico com a estrutura de árvore denominada dendrograma (MANLY, 2008), a forma pela qual os agrupamentos são identificados. Nos métodos de otimização, o conjunto de genótipos são separados em subgrupos, com pelo menos um genótipo, por meio de maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre os métodos de otimização, o mais utilizado na área de melhoramento é o método de agrupamento de Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Os métodos de análises multivariadas têm sido bastante utilizados em estudos sobre divergência genética em genótipos (acessos, cultivares, linhagens ou populações) de soja com finalidade de quantificar a variabilidade genética. Estudos realizados por Ferreira Júnior et al. (2015) para avaliar o desempenho agronômico e a divergência genética entre linhagens avançadas e superiores de soja utilizando o método de Tocher e Ward constataram variabilidade entre os genótipos, tornando possível a identificação de genótipos divergentes e com caracteres agronômicos desejáveis. Salimi et al. (2012) em estudo utilizando caracteres morfológicos para avaliar a diversidade genética entre 19 cultivares de soja observaram a existência de variabilidade para os caracteres entre os genótipos avaliados, com formação de sete grupos pelo método Ward. Almeida, Peluzio e Afféri (2011), ao estimarem a variabilidade genética envolvendo 12 cultivares de soja utilizando o método de Tocher e do vizinho mais próximo, identificaram cultivares dissimilares. Peluzio et al. (2009), em estudo da diversidade genética entre 14 cultivares por meio do método de Tocher, vizinhos mais próximos e variáveis canônicas, relataram que a presença de variabilidade genética permitiu detectar as cultivares mais dissimilares com médias elevadas para os caracteres em estudo. Rigon et al. (2012), ao avaliarem a divergência genética em 18 cultivares de soja, por meio de caracteres morfoagronômicos, utilizando a distância de Mahalanobis, o método de Tocher e de ligação simples, observaram a formação de cinco grupos e caracterizaram genótipos promissores a serem utilizados em cruzamentos. Villela et al. (2014) em estudo para estimar a diversidade genética em 74 cultivares de soja “Roundup Ready (resistente ao herbicida glifosato) com base em técnicas multivariadas (distância Euclidiana,

agrupamento de Tocher e UPGMA, e componentes principais), relataram que tanto os caracteres fenotípicos quanto os marcadores moleculares SSR permitiram uma adequada caracterização da variabilidade genética de germoplasma de soja e da estimativa da diversidade genética entre os genótipos.

2.6 Divergência genética da soja

O conhecimento da diversidade genética e a relação entre as cultivares melhoradas são de grande relevância para o melhoramento, para evitar problemas futuros com pragas e doenças, além de proporcionar informações para possíveis ganhos genéticos (VIEIRA et al., 2009b).

Estudos com genealogias e marcadores moleculares têm sido realizados para estimar a diversidade genética, das cultivares de soja no Brasil. Hiromoto e Vello (1986) e Wysmierski e Vello (2013) analisaram as genealogias, aplicaram o método do coeficiente de parentesco de Malécot para estimar a contribuição genética relativa de cada ancestral para as cultivares de soja utilizadas no Brasil, respectivamente em 1983 e 2010; estes autores encontraram as seguintes modificações neste período de 27 anos: 69 e 444 cultivares com genealogias disponíveis, 26 e 60 ancestrais comuns nas genealogias, 11 e 14 ancestrais responsáveis por cerca de 90% do conjunto gênico do germoplasma cultivado, destaques dos mesmos quatro ancestrais (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) contribuindo com 48% e 55% dos genes das cultivares. Portanto, ocorreram aumentos expressivos nos números de cultivares e de ancestrais comuns, mas a base genética da soja brasileira permaneceu estreita e relativamente similar à base genética da soja nos EUA. Certamente, para uma espécie com área cultivada tão grande como a soja, juntamente com um mercado altamente competitivo, mudanças significativas de base genética podem ser esperadas somente a longo prazo, por meio de acúmulo gradual de pequenas alterações nas genealogias.

Também é possível estimar a base genética por meio dos coeficientes de parentesco entre as cultivares combinadas duas a duas. Com base na média dos coeficientes de parentesco (f=0,1641) entre as 69 cultivares com genealogias conhecidas em 1983, Vello, Hiromoto e Azevedo Filho (1988) estimaram que o programa de melhoramento de soja no Brasil pode ser representado por uma população com tamanho efetivo entre 11 e 15 ancestrais, equivalente a dois ou três

ciclos de seleção recorrente. Em trabalho semelhante, Miranda et al. (2007) consideraram uma amostra de 90 cultivares elites mais cultivadas e adaptadas a diferentes ambientes brasileiros e estimaram uma média de coeficiente de parentesco (f=0,2124), maior do que a média (f=0,178) dos coeficientes de parentesco entre todas as 457 cultivares disponíveis na época; relataram um tamanho efetivo ainda mais reduzido (11 e 13) associado a três ou quatro ciclos de cultivares e confirmando a estreita base genética das cultivares brasileiras.

Priolli et al. (2002) ao avaliarem 186 cultivares de soja brasileiras por meio de marcadores microssatélites, concluíram que as linhagens norte-americanas utilizadas como genitores, dentre elas D49-2491, Hill, Davis e Hood, foram as que mais contribuíram para a base genética da soja cultivada no Brasil. Em estudos para detectar os efeitos do melhoramento sobre a diversidade do germoplasma de soja, Priolli et al. (2004) relataram que a variabilidade genética da soja no Brasil se manteve ao longo de três décadas e que houve a preservação de alelos das cultivares Santa Rosa, IAC-8, FT-Cristalina e Paraná, nas cultivares modernas; propuseram a introdução de novos materiais genéticos, como Centennial, Stonewall, Forrest e algumas “Plant Introductions” (PI) como um dos fatores que contribuiu para a manutenção da variabilidade ao longo dos anos de hibridação, endogamia e seleção.

Bonato et al. (2006) em estudo com uso de marcadores moleculares indicaram que houve alteração na diversidade genética do germoplasma de soja, e que existe uma relativa heterogeneidade dentro de alguns dos programas de melhoramento no Brasil.

Priolli et al. (2010) utilizaram marcadores microssatélites e dados de genealogia para avaliar a diversidade genética de 168 cultivares brasileiras de soja. Os autores mostraram que os grupos formados apresentaram-se estreitamente relacionados. Também relataram que os resultados obtidos mostraram-se altamente coerentes em relação à ancestralidade dos grupos, sugerindo que as cultivares foram derivadas de seis ancestrais, representadas por Davis, D492491, Hill, Hood, Improved Pelican e Santa Rosa.

Em estudo realizado por Priolli et al. (2013) para avaliar a estrutura genética de uma coleção de 435 cultivares elites brasileiras, foram empregados 27 locos SSR e detectados 130 alelos, com número médio de 4,81 alelos/loco; estes alelos determinaram a escolha de uma coleção nuclear formada por 31 cultivares como

bem representativa da coleção inteira; a análise Bayesiana com marcadores SSR revelou a presença de dois grupos geneticamente distintos na coleção toda de cultivares e na coleção nuclear, fato este que também revelou a base genética estreita do germoplasma brasileiro. Além disso, foi desenvolvido um painel com marcadores SSR, o qual pode ser útil para uso dos melhoristas no planejamento de cruzamentos estratégicos para o melhoramento e ampliação da base genética da soja.

Em síntese, estudos sobre divergência genética são de grande relevância por identificar genótipos geneticamente divergentes, os quais poderão ser disponibilizados para programas de melhoramento e, consequentemente, possibilitar a ampliação gradativa da base genética da soja.

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Experimentos e ambientes

Os experimentos foram realizados em três locais, compreendendo as estações experimentais: ESALQ-sede (ESALQ), Fazenda Areão (Areão) e Estação Experimental Anhumas (Anhumas), locais estes localizados em áreas administradas pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP e localizadas no município de Piracicaba – SP, com latitude aproximada de 22°42’30’’S, longitude 47°38’00’’W e altitude média de 546 m. A região apresenta uma média anual pluviométrica de 1.230 mm e as temperaturas médias mensais variam de 25,4ºC no verão a 17,9º C no inverno, com média anual de 21,6ºC.

O principal contraste entre os três locais é representado pelos diferentes tipos de solo: a) ESALQ: solo tipo nitossolo vermelho eutrófico (terra roxa estruturada) e relevo ondulado; b) Areão: solo tipo podzólico vermelho-amarelo distrófico, textura médio-argilosa, relevo ondulado e distante cerca de 5 km da ESALQ; c) Anhumas: solo do tipo latossolo amarelo distrófico, contendo 72% de areia, 20% de argila e 8% de silte, um pH médio de 6,4 pós-correção com calcário dolomítico, relevo plano e distante cerca de 60 km da ESALQ; trata-se de um local semelhante aos encontrados nos cerrados do Brasil Central.

Em cada combinação de ano agrícola e local foram conduzidos dois experimentos com manejos de doenças (ferrugem e doenças de fim de ciclo) com fungicidas, detalhados mais adiante. O número de locais variou entre os anos agrícolas, envolvendo: um local e dois experimentos em 2007/08 e 2009/10; e, dois locais e quatros experimentos nos demais anos agrícolas. No total foram considerados 20 experimentos (Tabela 2).

Sendo assim, procederam-se estudos sobre caracterização agromorfológica, análise de divergência e adaptabilidade e estabilidade. Para a caracterização agromorfológica foram considerados apenas os experimentos conduzidos no ano agrícola 2011/12, envolvendo as 24 populações e as duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Para as análises de divergência genética das linhagens foram utilizados os dados obtidos nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14, nos quais foram avaliadas 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001).

Para o estudo mais detalhado da interação G x E, realizando-se as análises de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart e Russel (1966) e o de AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH JÚNIOR, 1988) foram utilizados os dados referentes à produtividade de grãos (PG), em cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), combinando-se um número variável de locais (ESALQ, Areão, Anhumas) por ano agrícola e dois manejos de doenças por local, originando um total de 16 ambientes.

Em cada local, os materiais genéticos foram avaliados em dois experimentos conduzidos em áreas contíguas, com manejos distintos de doença com aplicações dos seguintes fungicidas:

a) manejo DFC: aplicações do fungicida Derosal (D) para controle apenas das doenças de fim de ciclo (DFC);

b) manejo FAS: aplicações sucessivas dos fungicidas Opera e Impact - Duo (O&I) ou Opera e Nativo (O&N) ou Opera e Priori Xtra (O&P), variável entre os anos agrícolas, para controle da ferrugem e das DFC.

Em cada experimento foram feitas três aplicações dos fungicidas, na fase reprodutiva das plantas, sendo a primeira aplicação realizada entre os estádios R1 e R2 (FEHR; CAVINESS, 1977). Os fungicidas utilizados para o controle da ferrugem e das DFC são compostos por uma mistura do grupo da estrobirulina e do triazol; o fungicida Opera® (Piraclostrobina 133 g/L e Epoxiconazol, 50 g/L, BASF) foi utilizado nas duas primeiras aplicações e o fungicida Impact (125 g/L; Bayer) na terceira aplicação, para o ano agrícola 2007/08. Nos anos agrícolas 2008/09, 2009/10, 2010/11, 2011/12 e 2012/13, o fungicida Impact foi substituído pelo fungicida Nativo® (Trifloxistrobina 100 g/L e Tebuconazol 200 g/L, Bayer) na terceira aplicação. Já no ano agrícola 2013/14, foi utilizado o fungicida Priori Xtra® (Azoxistrobina 200 g/L e Ciproconal 80 g/L, Syngenta), em substituição ao fungicida Nativo, na terceira aplicação. O fungicida Derosal® 500 SC (Carbendazim, 500 g/L, Bayer) que foi utilizado nos experimentos com manejo DFC é do grupo benzimidazol.

Esta estratégia de se usar dois tipos de manejos de doenças com fungicidas permitiu a estimação do efeito ferrugem e da tolerância de cada genótipos à ferrugem e tem sido utilizado por Araújo (2009), Araújo e Vello (2010), Unfried (2007) e Vieira, P. (2009).

3.2 Materiais genéticos

Em cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12) foram pesquisadas 24 populações de soja desenvolvidas pelo programa de ampliação da base genética e melhoramento de soja do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas, Departamento de Genética, ESALQ/USP (Tabela 1). Inicialmente, estas populações estavam na geração $F_{4:11}$ de endogamia.

As populações foram derivadas de seleção praticada em diferentes cruzamentos obtidos por sistemas dialelos completos ou parciais. Como estes sistemas estavam inseridos em um programa de seleção recorrente, as populações podem ter sido originadas de cruzamentos biparentais, quádruplos ou óctuplos. Os principais caracteres alvo de seleção foram: produtividade de óleo, resistência ao nematoide de cisto e resistência a pragas (principalmente percevejos sugadores de grãos).

Entre os anos agrícolas 2007/08 e 2011/12, as populações foram conduzidas pelo método da amostra dentro de progênies, de maneira que em 2011/12 alcançaram a geração $F_{4:14}$. Neste momento, foram selecionadas no campo e colhidas 20 plantas individuais dentro de cada população, originando 20 linhagens $F_{15:16}$. Em 2012/13 e 2013/14 foram avaliadas as 20 linhagens das 24 populações, ou seja, no total foram avaliadas 480 linhagens $F_{15:16}$ e $F_{15:17}$, respectivamente, as quais foram codificadas no Anexo A, com genealogias identificadas na Tabela 1.

Nos experimentos realizados nos anos agrícolas 2007/08 e 2008/09 foram utilizadas as testemunhas: Conquista e Monsoy 8001. Já nos anos agrícolas 2009/10 a 2013/14, a testemunha BRS 133 foi utilizada em substituição a Conquista.

Tabela 1 - Identificação e genealogias das populações de soja avaliadas nos anos agrícolas 20007/08, 2008/09, 2009/10, 2010/11 e 2011/12, Piracicaba - SP

Ordem	Populações	Genealogias
1	USP 04-18.092	MT 123800 x USP 11-14 MT 123800 x (Foster x FT 79-3408)
2	USP 10-10	Foster x FT 79-3.408
3	USP 04-17.027	(Primavera x Forrest) x (Paranagoiana x Sel. Jackson – 4.028)
4	USP 04-18.111	USP 11-14 x USP 06-06 (Foster x FT 79-3408) x SOC 81 -76 x Foster)
5	USP 02-16.063	USP 05 PC x USP 07 FB (Kirby x FT-2) x SOC 81 -76 x Foster)
6	USP 04-18.063	USP 01-11 x MT 123800 (IAC Foscarin -1 x Foster) x MT 123800
7	USP 04-18.069	USP 01-11 x USP11-14 (IAC Foscarin -1 x Foster) x (Foster x FT 79-3408)
8	USP 02-16.120	USP 11 x IAC 8-2 (Foster x FT 79 - 3408) x (IAC 8-2)
9	USP 02-16.051	USP 01 FB x USP11 (IAC – Foscarin - 31 x Forrest) x (Forrest x FT 79-3408)
10	USP 02-16.045	USP 04 x USP 05 PC (Primavera x Forrest) x (Kirby x FT - 2)
11	USP 04-17.039	(USP 1-19 x USP 93-5280) (IAC Foscarin - 31 x Forrest) x (Paranagoiana x Sel. Jackson – 4.028)
12	USP 05-17	Paraná x Kirby
13	USP 02-16.122	USP 02 FR x USP 06 FBPC (Primavera x Forrest) x (SOC 81-76 x Foster)
14	USP 97-08.057	OCEPAR – 4 x IAC – 100
15	USP 10-24	Foster x FT 79-3.408
16	USP 02-16.074	USP 01 FB x USP 03 (IAC – Foscarin – 31 x Forrest) x (Primavera x Forrest)
17	USP 04-17.011	USP 1-19 x PI 181.544 (IAC Foscarin - 31 x Forrest) x PI 181.544) x USP 2-1 x USP 93-5280)
18	USP 04-18.091	MT 123800 x USP 11-14 MT 133800 x (Foster x FT 79-3408)
19	USP 02-16.140	USP 05 PC x USP11 (Kirby x FT-2) x (Foster x FT 79-3408)
20	USP 08-04	Foster x FT 79-3.408
21	USP 98-13.009	[(PI 371.610 x Sel. Paraná) x (Sel. Bossier x UFV – 2)] x [(Kirby x FT – 2) x GO 81-8.941 x Sel. BR 8015.725 – B)]
22	USP 11-12	Foster x FT 79-3.408
23	USP 02-16.182	USP 04 x USP 05 PC (Primavera x Forrest) x (Kirby x FT - 2)
24	USP 02-16.179	USP 05 PC x USP 08 (Kirby x FT-2) x (Foster x FT 79-3408)

3.3 Delineamento experimental

Os experimentos realizados nos anos agrícolas 2007/08 a 2012/13 estão esquematizados na Tabela 2.

Nos anos agrícolas 2007/08 a 2011/12, em cada local foram realizados dois experimentos delineados em blocos ao acaso (Anexo B), compreendendo os dois manejos com fungicidas (DFC e FAS), descritos no item 3.1 anterior. Nos anos agrícolas 2007/08, 2008/09 e 2010/11 os experimentos foram constituídos por quatro repetições. No ano agrícola 2009/10 os experimentos consistiram de duas a quatro

repetições. Já no ano agrícola 2011/12 todos os experimentos foram constituídos por três repetições. Em todos estes experimentos, cada repetição foi estratificada em dois conjuntos experimentais, cada conjunto constituído de 12 populações e duas testemunhas comuns (BRS 133 e Monsoy 8001/Conquista), ou seja, cada conjunto foi constituído por 14 parcelas experimentais. Cada parcela compreendeu quatro fileiras de 5,0 m x 0,5 m, deixando-se um caminho de 1m nas extremidades das parcelas. Cada repetição compreendeu um bloco aumentado de Federer (FEDERER, 1956), de maneira que as testemunhas comuns permitiram o ajuste das médias das parcelas dentro das repetições e posteriores testes estatísticos.

Nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14 foram avaliadas 480 linhagens $F_{15:16}$ e $F_{15:17}$, sendo 20 linhagens (detalhes sobre a obtenção das 20 linhagens são apresentados no item 3.4 adiante) de cada uma das 24 populações, em dois experimentos, compreendendo os dois manejos com fungicidas (DFC e FAS), descritos no item 3.1 anterior. Cada experimento de manejo com fungicidas compreendeu um bloco aumentado de Federer (Anexo C), sem repetição. Cada bloco foi estratificado em 24 conjuntos experimentais; em cada conjunto foram alocadas 20 linhagens $F_{15:16}$ (em 2012/13) e $F_{15:17}$ (em 2013/14) de cada uma das 24 populações iniciais e as duas testemunhas comuns (BRS 133 e Monsoy 8001), totalizando 22 parcelas experimentais. As parcelas experimentais foram representadas por uma fileira de 2,0 m x 0,5 m, deixando-se um caminho com 1m de largura nas extremidades das parcelas.

Tabela 2 - Anos agrícolas, locais, manejos com fungicidas, número de genótipos e repetições, testemunhas e geração endogâmica. Experimentos com soja, Piracicaba - SP

Anos agrícolas	Locais	Manejos com fungicidas	Nº de genótipos e repetições
2007/08	1-Anhumas	1-Opera & Impact Duo 2-Derosal	24 populações $F_{4:11}$ 4 repetições (2 conjuntos em cada) 2 testemunhas (BRS 133 e Conquista)
2008/09	1-Anhumas 2-ESALQ	1-Opera &Nativo 2-Derosal 1-Opera & Nativo 2-Derosal	24 populações $F_{4:12}$ 4 repetições (2 conjuntos em cada) 2 testemunhas (BRS 133 e Conquista)
2009/10	2-ESALQ	1-Opera & Nativo 2-Derosal	24 populações $F_{4:13}$ 2 a 4 repetições (2 conjuntos em cada) 2 testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001)
2010/11	2-ESALQ 3-Areão	1-Opera & Nativo 2-Derosal 1-Opera & Nativo 2-Derosal	24 populações $F_{4:14}$ 4 repetições (2 conjuntos em cada) 2 testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001)
2011/12	2-ESALQ 3-Areão	1-Opera & Nativo 2-Derosal 1-Opera & Nativo 2-Derosal	24 populações $F_{4:15}$ 3 repetições 2 testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001)
2012/13	2-ESALQ	1-Opera & Nativo 2-Derosal	24 Blocos aumentados de Federer sem repetição 1 bloco = 20 linhagens $F_{15:16}$ 2 testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001)
2013/14	2-ESALQ	1-Opera & Priori Xtra 2-Derosal	24 Blocos aumentados de Federer sem repetição 1 bloco = 20 linhagens $F_{15:17}$ 2 testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001)

3.4 Avaliação dos caracteres agronômicos

Nos anos agrícolas 2007/08 a 2010/11 foram feitas avaliações apenas da produtividade de grãos (PG) das parcelas experimentais.

No ano agrícola 2011/12, além das avaliações da PG das parcelas, também foram realizadas avaliações de plantas individuais tomadas ao acaso em cada parcela. Nesse ano agrícola foram avaliadas e amostradas no campo 36 plantas individuais de cada uma das 24 populações: 6 plantas individuais competitivas x 3 repetições x 2 manejos com fungicidas. As plantas foram identificadas com etiquetas contendo códigos representativos do local, experimento, manejo com fungicidas, repetição, conjunto, parcela e número da planta. Após a trilhagem das plantas individuais e a pesagem de suas sementes, foi praticada seleção das 20 plantas mais produtivas para formação das linhagens $F_{15:16}$ mais produtivas para compor os experimentos do ano agrícola 2012/13; em 2013/14 foram avaliadas as linhagens $F_{15:17}$.

Para as avaliações de plantas individuais e de parcelas foram considerados os estádios reprodutivos e vegetativos propostos por Fehr e Caviness (1977).

3.4.1 Avaliações de caracteres em plantas individuais

Em 2011/12 foram realizadas avaliações de plantas individuais, quanto aos seguintes caracteres:

a)Cor das flores (CF): avaliada no estádio R1, podendo ser classificada como branca ou roxa.

b)Número de dias para o florescimento (NDF): correspondendo ao número de dias desde a data de semeadura até a antese da primeira flor.

c)Número de internódios no florescimento (NIF): contados a partir dos nós das folhas unifolioladas até o último nó na haste principal no início do florescimento.

d)Altura da planta no florescimento (APF): em centímetros, no dia em que a primeira flor apresentou-se aberta, sendo mensurada desde a superfície do solo até a extremidade da haste principal.

e)Número de dias para a maturidade (NDM): correspondendo ao número de dias entre a semeadura e a maturação completa, momento em que a planta

apresentou 95% de vagens maduras, ou seja, no estádio R8 de desenvolvimento da planta.

f)Número de internódios na maturidade (NIM): contados a partir dos nós das folhas unifolioladas até o último nó na haste principal no estádio R8 de desenvolvimento da planta.

g)Altura da planta na maturidade (APM): em centímetros, medida desde a superfície do solo até a extremidade da haste principal em R8.

h)Altura de inserção da primeira vagem (AIV): em centímetros, medida desde o nível do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal em R8.

i)Número de vagens por planta (NVP): número de vagens encontradas em cada planta individual em R8.

j)Cor da pubescência (CP): avaliada no estádio R8, que foi classificada em cinza ou marrom.

l)Cor das vagens (CV): avaliada no R8, que foi classificada como cinza, marrom ou preta.

m)Número de sementes por planta (NSP): correspondendo ao número de sementes de cada planta individual no estádio R8 e após a debulha em trilhadeira de planta individual.

n)Peso de grãos por planta (PGP): avaliado no estádio R8, por meio da pesagem, em gramas, dos grãos de cada planta individual (seis plantas por parcela), após a secagem em condições normais de laboratório até os grãos terem atingido aproximadamente 13% de umidade; foram avaliadas seis plantas por parcela.

0)Cor do tegumento (CT): avaliado durante o estádio R8, considerando os fenótipos amarelo, verde, marrom ou preto.

p)Cor do hilo (CH): classificado em cinza, amarelo (creme), marrom ou preto.

3.4.2 Avaliações de caracteres nas parcelas experimentais

Os caracteres avaliados nas parcelas experimentais em 2011/12 foram:

a)Estande (ES): avaliado em uma escala de notas, variando de 1 (quando a parcela apresentou-se com grande número de falhas) a 5 (quando a parcela apresentou-se sem falhas).

b)Acamamento (AC): avaliado em R8, de acordo com escala de notas visuais, variando de 1 (quando todas as plantas da parcela apresentaram-se eretas) até 5 (todas as plantas totalmente acamadas).

c)Valor agronômico (VA): avaliado no estádio R8, de acordo com escala de notas visuais, variando de 1 (plantas com baixo potencial produtivo e caracteres agronômicos ruins) até 5 (plantas com alto potencial produtivo e com excelentes caracteres agronômicos); compreendeu um índice representativo de um conjunto de caracteres, principalmente número de vagens e ramificações, altura da planta, vigor, acamamento e sintomas fitossanitários.

d)Peso de cem sementes (PCS): avaliado no estádio R8, em gramas, obtido pela pesagem de cem sementes normais representativas da parcela, após a secagem em condições normais de laboratório até as sementes alcançarem aproximadamente 13% de umidade.

e)Produtividade de grãos (PG): avaliada no estádio R8, obtida por meio da pesagem dos grãos de todas as plantas de cada parcela, adicionando-se o peso de grãos das seis plantas individuais avaliadas separadamente; a pesagem foi feita após a secagem em condições normais de laboratório até os grãos alcançarem aproximadamente 13% de umidade.

f)Taxa de reação à ferrugem baseada na produtividade de grãos (FP): estimada para cada genótipo em particular, por meio da diferença entre as médias ajustadas de PG do genótipo nos dois experimentos com manejos de doenças com fungicidas, conforme detalhamento anterior (item 3.2), por meio da equação 1:

$$FP = \left[\frac{PG(D)-PG(O\&N)}{PG\ (D)}\right] x\ 100 \qquad (1)$$

h)Taxa de reação à ferrugem baseada no tamanho das sementes (FT): idem ao anterior, em termos de tamanho das sementes ou peso de cem sementes, de acordo com a eq. 2:

$$FT = \left[\frac{PCS(D)-PCS(O\&N)}{PCS(D)}\right] x\ 100 \qquad (2)$$

Nos experimentos dos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14 também foram avaliadas plantas individuais, uma planta por linhagem $F_{15:16}$, $F_{15:17}$, respectivamente, adotando-se os mesmos critérios de avaliação dos caracteres descritos nos itens

3.4.1 e 3.4.2. Para o ano agrícola 2012/13 foi avaliada uma planta na parcela, para os seguintes caracteres: número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de sementes por planta (NSP), cor do tegumento (CT), cor do hilo (CH) e peso de grãos da planta (PGP). Os caracteres avaliados na parcela foram: número de dias para o florescimento (NDF), cor das flores (CF), número de dias para a maturidade (NDM), cor da pubescência (CP), cor das vagens (CV), peso de cem sementes (PCS), produtividade de grãos (PG), estande (ES), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

3.5 Análises estatísticas

As análises estatísticas foram efetuadas com auxílio do pacote computacional SAS (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE, 1996), e do programa GENES (CRUZ, 2008).

3.5.1 Normalidade dos dados experimentais

Inicialmente, foi realizada uma análise exploratória dos dados experimentais para verificar a existência de “outliers”, que alteram a normalidade dos resíduos.

Em seguida foi possível verificar a normalidade dos dados pelo teste de Shapiro-Wilk (1956). Também foi verificada a homogeneidade de variâncias por meio do teste de Bartlett (1937). Estas análises foram realizadas utilizando o programa SAS® (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE, 1996) para os todos os caracteres em todos os anos agrícolas.

Foram realizadas transformações por meio da transformação de Box e Cox (1964) que utiliza o parâmetro de transformação λ, tal que $y_i^{\lambda} = (y^{\lambda} - 1)/\lambda$ $(\lambda \neq 0)$ ou $y_i^{\lambda} = log y_i$ $(\lambda = 0)$ para uma melhor aproximação à distribuição normal.

3.5.2 Análise de variância para as testemunhas

Para os anos agrícolas 2007/08, 2008/09, 2009/10, 2010/11 e 2011/12, com a finalidade de verificar a existência de diferença ambiental entre conjuntos

experimentais e se existe interação entre testemunhas x conjuntos, foram realizadas análises individuais de variância, somente com as testemunhas comuns aos conjuntos experimentais. Casas-Leal (2015), Medeiros (2009) e Silva (2008) utilizaram esse mesmo procedimento para o delineamento de blocos ao acaso. Esta análise foi realizada de acordo com a eq. 3:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + c_k + (tc)_{ik} + r_j + \varepsilon_{ij} \quad (3)$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado referente à testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

t_i: efeito fixo da testemunha i, sendo, i= 1,...,t;

c_k: efeito aleatório do conjunto k, sendo, k= 1,...,c;

$(tc)_{ik}$: efeito aleatório da interação da testemunha i com o conjunto k;

r_j: efeito aleatório da repetição j, sendo, j= 1,...,j;

ε_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental da parcela que recebeu a testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2

Para os anos agrícolas 2012/13 e 2013/14 também foi avaliada a existência de diferença ambiental entre conjuntos experimentais. Esse procedimento foi utilizado por Marques (2014). Foram realizadas análises individuais de variância somente com as testemunhas comuns aos conjuntos experimentais, de acordo com a eq. 4:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + c_k + \varepsilon_{ij} \quad (4)$$

em que:

Y_{ik}: valor observado referente à testemunha i dentro do conjunto k;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

t_i: efeito fixo da testemunha i, sendo, i= 1,...,t;

c_k: efeito aleatório do conjunto k, sendo, k= 1,...,c;

ε_{ik}: efeito aleatório do erro experimental da parcela que recebeu a testemunha i dentro do conjunto k, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2

Sendo constatada a significância do teste F para as fontes de variação conjuntos e ou interação testemunhas x conjuntos, foi feito ajuste de médias, ou seja, estimada uma correção ambiental, obtida para cada conjunto por meio da diferença entre a média das testemunhas em dado conjunto e a média geral das testemunhas em todos os conjuntos. Isso foi feito para os dados de produtividade de grãos de todas as populações de cada conjunto (PIMENTEL-GOMES, 2009; FEDERER, 1956). O ajuste permitiu a análise de variância das populações de acordo com o delineamento experimental de blocos ao acaso com repetições. Após as médias serem ajustadas, os procedimentos das análises de variância seguiram de acordo com o delineamento de blocos ao acaso, ignorando-se o efeito de conjuntos experimentais.

3.5.3 Análise para caracterização agromorfológica

Nesse estudo foram considerados apenas os experimentos realizados durante o ano agrícola 2011/12.

As 24 populações e as duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) foram caracterizadas para 19 caracteres morfológicos, sendo cinco qualitativos e 14 quantitativos.

3.5.3.1 Análise de variância individual

Para os caracteres avaliados foram realizadas análises de variância univariada para cada experimento, ou seja, para os experimentos com manejos de doenças de fim de ciclo (DFC) e manejo FAS (controle da ferrugem e demais DFC), segundo delineamento de blocos ao acaso, de acordo com a eq. 5:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + r_j + \varepsilon_{ij} \quad (5)$$

em que:

Y_{ij} : observação na área útil da parcela, do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i: efeito fixo do i-ésimo genótipo (i= 1,2, ..., g);

r_j : efeito aleatório da j-ésima repetição;

ε_{ij}: efeito aleatório do erro experimental da parcela que recebeu genótipo i na repetição j, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2

3.5.3.2 Análise de variância conjunta

Posteriormente, foram realizadas as análises conjuntas dos experimentos, tendo como objetivo determinar possíveis interações entre populações e ambientes. Considerando ambiente como cada experimento com manejo FAS (com aplicação dos fungicidas Opera e Nativo/Opera ou Impact Duo/Opera e Priori Xtra) ou com manejo DFC (com aplicação do fungicida Derosal). Para essa análise foi adotado o modelo estatístico representando pela eq. 6:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + r/a_{jk} + a_j + ga_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (6)$$

em que:

Y_{ijk} : observação referente ao genótipo “i” na repetição “j” no experimento “k”;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i: efeito fixo do i-ésimo genótipo (i = 1, 2, ..., g);

r/a_{kj} : efeito aleatório da k-ésima repetição dentro do j-ésimo ambiente (k = 1, 2, ..., r);

a_j : efeito do j-ésimo ambiente (j = 1, 2, ..., a);

ga_{ij} : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;

ε_{ijk} : erro aleatório associado à parcela “ijk”, admitindo ser independente e com distribuição normal de média e variância σ^2.

3.5.3.3 Agrupamento de médias das populações

A detecção de diferença significativa dentro da fonte de variação populações pela análise de variância indicou a existência de grupos. Com isto, foi realizado o agrupamento das médias das populações e testemunhas para cada caráter, pelo teste de Scott e Knott, a 5% de probabilidade, através do programa Genes (CRUZ, 2008).

3.5.4 Interação genótipos x ambientes

Os 16 ambientes envolveram combinações diferentes de fungicidas, locais e anos agrícolas e foram representados pelas seguintes siglas: E(ANHUMAS:FAS), E(ESALQ:FAS) e E(AREÃO:FAS), que correspondem aos ambientes com manejo de FAS para controle da ferrugem e das outras doenças de fim de ciclo, por meio de aplicações sucessivas dos fungicidas Opera & Impact Duo ou dos fungicidas Opera & Nativo; já as siglas E(ANHUMAS:DFC), E(ESALQ:DFC) e E(AREÃO:DFC) estão relacionadas aos ambientes com manejo DFC, ou seja, de doenças de fim de ciclo (exceto a ferrugem) com aplicações do fungicida Derosal.

3.5.4.1 Análise de variâncias individuais e conjuntas

Para esse estudo forma realizadas análises de variância individuais em cada ano agrícola, de acordo a equação 5 do item 3.5.3.1.

Posteriormente, foram realizadas análises de variância conjuntas dos experimentos, em cada ano de avaliação, tendo como objetivo determinar possíveis interações entre populações e ambientes. Considerando ambiente como cada experimento com manejo de doenças com fungicidas (DFC e FAS) em cada local. Para essa análise foi adotado o modelo estatístico representado pela eq. 6 do item 3.5.3.2.

Também foram realizadas análises de variância conjuntas por ano para verificar o efeito de locais, e de fungicidas (Opera e Impact Duo ou Opera e Nativo vs Derosal). Assim, foi verificado se as populações apresentaram ou não resposta diferenciada nos diferentes locais e na presença ou ausência da ferrugem e DFC. Para verificar o efeito de fungicidas e locais sobre os genótipos foi adotada a eq. 7:

$$Y_{ijkl} = \mu + g_i + f_j + l_k + r_l(fl)_{jk} + (gf)_{ij} + (gl)_{il} + (fl)_{il} + (gfl)_{ijl} + \varepsilon_{ijk} \quad (7)$$

em que:

Y_{ijkl}: observação referente ao genótipo “i” na repetição “l” no fungicida “j”, no local “k”;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i: efeito fixo do i-ésimo genótipo (i = 1, 2, ..., g);

f_j: efeito fixo do j-ésimo fungicida (j = 1, 2, ..., f);

l_k: efeito fixo do k-ésimo local (k = 1,...l);

$r_l(fl)_{jk}$: efeito aleatório da l-ésima repetição (l = 1, 2, ..., r) dentro do j-ésimo fungicida e k-ésimo local;

$(fg)_{ji}$: efeito fixo da interação do j-ésimo fungicida com o i-ésimo genótipo;

$(lg)_{ki}$: efeito fixo da interação do k-ésimo local com o i-ésimo genótipo;

$(fl)_{jk}$: efeito fixo da interação do j-ésimo fungicida com o k-ésimo local;

$(flg)_{jki}$: efeito fixo da interação entre o j-ésimo fungicida, o k-ésimo local e o i-ésimo genótipo;

ε_{ijkl}: erro aleatório associado à parcela “ijkl”, admitindo ser independente e com distribuição normal de média e variância σ^2.

Em seguida, foram determinados os efeitos dos locais, fungicidas e anos sobre os genótipos, considerando os dados relativos aos genótipos comuns nos dois manejos com fungicidas (DFC e FAS), três locais (Anhumas, Areão e ESALQ) e cinco anos agrícolas (2007/08, 2008/09, 2009/10, 2010/11 e 2011/12).

Para proceder as análises conjuntas, antes foi verificada a existência de homogeneidade das variâncias residuais por meio da razão entre os valores máximo e mínimo dos quadrados médios dos resíduos das análises individuais de cada ambiente, estabelecendo-se como critério de relação máxima igual a 7, conforme Pimentel-Gomes (2009).

A análise de variância para verificar o efeito de anos é representada pela eq. 8:

$$Y_{ijklm} = \mu + g_i + f_j + l_k + a_m + r_l(afl)_{mjk} + (ag)_{mi} + (af)_{mj} + (gf)_{ij} + \\ + (gl)_{ik} + (fl)_{ik} + (gfl)_{ijk} + gfa_{ijm} + \varepsilon_{ijklm} \quad (8)$$

em que:

Y_{ijklm} : observação referente ao genótipo “i” na repetição “l” no fungicida “j” no local “k”, no ano “m”;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i: efeito fixo do i-ésimo genótipo (i = 1, 2, ..., g);

f_j: efeito fixo do j-ésimo fungicida (j = 1, 2, ..., f);

l_k: efeito fixo do k-ésimo local (k = 1,...l);

a_m: efeito aleatório do m-ésimo ano (m = 1,...,a);

$r_l(afl)_{mjk}$: efeito aleatório da l-ésima repetição (l = 1, 2, ..., r) dentro m-ésimo ano, j-ésimo fungicida e k-ésimo local;

$(ag)_{mi}$: efeito aleatório da interação do m-ésimo ano com o i-ésimo genótipo;

$(af)_{mj}$: efeito aleatório da interação do m-ésimo ano com o j-ésimo fungicida;

$(gf)_{ij}$: efeito fixo da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo fungicida;

$(gl)_{ik}$: efeito fixo da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo local;

$(fl)_{jk}$: efeito fixo da interação do j-ésimo fungicida com o k-ésimo local;

$(gfl)_{ijk}$: efeito fixo da interação entre i-ésimo genótipo, o j-ésimo fungicida e o k-ésimo local;

gfa_{ijm}: efeito aleatório da interação entre o i-ésimo genótipo, j-ésimo fungicida e o m-ésimo ano;

ε_{ijklm} : erro aleatório associado à parcela “ijklm”, admitindo ser independente e com distribuição normal de média e variância σ^2.

3.5.4.2 Análise de adaptabilidade e estabilidade

Em cada ano agrícola, os dois experimentos com manejos de doenças com fungicidas (DFC e FAS) foram considerados como ambientes (E) diferentes e representados, respectivamente, por E(FAS) e E(DFC).

Para a análise da adaptabilidade e de estabilidade fenotípica dos genótipos, foi considerado como ambiente, a combinação de fungicida, local e ano. Assim, pela combinação de dois manejos com fungicidas (DFC e FAS), com três locais (Anhumas, ESALQ e Areão) e cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), obteve-se 16 ambientes, correspondentes a: (1) Anhumas, Opera e Impact-Duo, 2007/08); (2)

Anhumas, Derosal, 2007/08; (3) Anhumas, Opera e Nativo, 2008/09; (4) Anhumas, Derosal, 2008/09; (5) Areão, Opera e Nativo, 2010/11; (6) Areão, Derosal, 2010/11; (7) Areão, Opera e Nativo, 2011/12; (8) Areão, Derosal, 2011/12; (9) ESALQ, Opera e Nativo, 2008/09; (10) ESALQ, Derosal, 2008/09; (11) ESALQ, Opera e Nativo, 2009/10; (12) ESALQ, Derosal, 2009/10; (13) ESALQ, Opera e Nativo, 2010/11; (14) ESALQ, Derosal, 2010/11; (15) ESALQ, Opera e Nativo, 2011/12; (16) ESALQ, Derosal, 2011/12.

Foram utilizadas duas metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos: Eberhart e Russel (1966) e AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH JÚNIOR, 1988).

3.5.4.2.1 Método de Eberhart e Russel (1966)

O método de Eberhart e Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear simples, em que a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica caracterizam-se por três parâmetros: a variância dos desvios da regressão (σ_{di}^2) do genótipo, utilizado para avaliar a estabilidade de cada genótipo; o coeficiente de regressão β_{li} do genótipo utilizado como padrão de resposta aos diferentes ambientes, que juntamente com a média do genótipo estimam a adaptabilidade. O modelo matemático é representado pela eq. 9:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_i l_j + \sigma_{ij}^2 + \varepsilon_{ij} \quad (9)$$

em que:

Y_{ij}: média do genótipo “i” no ambiente “j”;
β_{0i}: média geral do genótipo “i”;
β_i: coeficiente de regressão linear, que descreve a resposta do i-ésimo genótipo à variação do ambiente;
I_j: índice ambiental;
$\sigma^2{}_{ij}$: desvio da regressão do genótipo i no ambiente j;
ε_{ij}: erro experimental médio.

Os estimadores dos parâmetros anteriores encontram-se nas eq. 10 a 18:

$$\overline{Y_i} = \frac{\sum_j Y_{ij}}{a} \tag{10}$$

$$\hat{\beta}_{0I} = \overline{Y}_{I.} \tag{11}$$

$$\hat{\beta}_{1I} = \frac{\sum_J Y_{IJ} I_J}{\sum_J I_J^2} \tag{12}$$

$$I_j = \frac{\sum_j Y_{ij}}{g} - \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}}{ag} \tag{13}$$

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{0I}) = \frac{1}{a}\hat{\sigma}_{\varepsilon}^2 \tag{14}$$

$$\hat{V}(\hat{\beta}_{1I}) = \frac{1}{\sum_J I_J^2}\hat{\sigma}_{\varepsilon}^2 \tag{15}$$

$$\hat{\sigma}_{0I}^2 = \frac{\sum_J \hat{\delta}_{IJ}^2}{(a-2)} = \frac{QMD_I - QMR}{r} \tag{16}$$

$$\hat{\sigma}_{\varepsilon}^2 = \frac{1}{r}\hat{\sigma}^2 = \frac{QMR}{r} \tag{17}$$

$$QMD_I = \frac{r}{a-2}\left[\sum_J Y_{IJ}^2 - \frac{Y_{IJ}^2}{a} - \frac{\left(\sum_J Y_{IJ}^2 I_J\right)^2}{\sum_J I_J^2}\right] (válido\ para\ qualquer\ i) \tag{18}$$

Já os membros das eq. 10 a 18 compreendem:

$\sum_{j} Y_{ij}$: somatório nos j ambientes das médias do genótipo i;

a: número de genótipos observados;

$\sum_{J} Y_{IJ} I_J$: somatório nos ambientes j das médias do genótipo i multiplicadas pelo índice ambiental;

$\sum_{J} I_J^2$: somatório dos quadrados dos índices ambientais I_j;

$\hat{\beta}_{OI}$: estimativa de produtividade média;

$\bar{Y}_L$: média da produtividade do genótipo i em todos os ambientes j;

QMDi : quadrado médio dos desvios da regressão do genótipo i;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r : número de repetições;

$\hat{\sigma}^2_g$: estimativa da variância genética entre genótipos;

$\hat{\sigma}_e^{\ 2}$: estimativa da variância ambiental;

A hipótese H_0: $\beta_{Ii} = 1$ versus Ha: $\beta_{Ii} \neq 1$ foi avaliada pela estatística t, dada pela eq. 19:

$$t = \frac{\hat{\beta}_1 - 1}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}1)}} \qquad (19)$$

A hipótese H_0: $\sigma^2_{di} = 0$ foi avaliada pela estatística F, dada pela eq. 20:

$$F = \frac{QMDi}{QMR} \qquad (20)$$

com um nível de significância α e a [(a-2), m] graus de liberdade, sendo m o número de graus de liberdade do resíduo obtido na análise conjunta.

Genótipos com produtividade média superior podem apresentar σ^2_{di} estatisticamente diferente de zero. Neste caso, a seleção de genótipos do grupo com baixa estabilidade (ou previsibilidade) pode ser feita por meio do coeficiente de determinação R_i^2, dado pela eq. 21:

$$R_i^2 = \frac{SQ\ (R.Linear\ )i}{SQ\,(A/Gi\,)} \text{ x } 100 \qquad (21)$$

Em que:

$SQ\ (R.\ Linear)i$: soma de quadrados da regressão linear do genótipo “i”

$SQ(A/Gi)$: soma de quadrados de ambientes dentro do genótipo “i”.

A análise de Eberhart e Russel (1996) foi realizada com auxílio do Programa Genes (CRUZ, 2008). Como o número de repetições entre os ambientes variou de duas a quatro repetições, foi utilizada a média harmônica das repetições, de acordo com o proposto por Ramalho, Ferreira e Oliveira (2005).

3.5.4.2.2 Método AMMI

O modelo utilizado para a análise AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interactions) (GAUCH JÚNIOR, 1988), foi o relatado por Duarte e Vencovsky (1999), e representado pela seguinte eq. 22:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij} \qquad (22)$$

A interação G x E que constitui a parte multiplicativa do modelo foi estimada pela análise de componentes principais, de acordo com a seguinte eq. 23:

$$(ge)_{ij} = \sum_{k=1}^{n} \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} \qquad (23)$$

(padrão + ruído)

em que:

Y_{ij}: resposta média do genótipo i (i = 1, 2, ..., G genótipos) no ambiente j (j = 1, 2, ..., a ambientes);

μ : média geral dos experimentos;

g_i : efeito fixo do genótipo i;

e_j: efeito fixo do ambiente j;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

$(ge)_{ij}$: efeito fixo da interação específica do genótipo i com o ambiente j;

λ_k: k-ésimo valor singular (escalar) da matriz de interações original (denotada por GE);

γ_{ik}: elemento correspondente ao i-ésimo genótipo i no k-ésimo vetor

singular coluna da matriz GE;

α_{jk}: elemento correspondente ao j-ésimo ambiente no k-ésimo vetor singular linha da matriz GE;

ρ_{ij}: ruído associado ao termo $(ge)_{ij}$ da interação clássica do genótipo i com o ambiente j.

O índice k (k= 1, ..., p em que p = min (g-1, a-1)) é o posto da matriz GE, tomado até n no somatório (n<p), determinando uma aproximação de mínimos quadrados para GE pelos n primeiros termos da decomposição de valores singulares; n é o número mínimo de componentes principais (eixos) selecionados, que descrevem o padrão da interação G x E.

A primeira parte do modelo anterior denomina-se padrão (interação propriamente dita, segundo essa abordagem), enquanto ρ_{ij} é referido, comumente, como o ruído presente no termo da interação original $(ge)_{ij}$, o qual foi descartado com o objetivo de melhorar a capacidade preditiva do modelo na análise da SQ_{GxE}. O número (n) de componentes principais retidos na parte padrão, representa uma família de modelos ($AMMI_1$, AMM_2, ...$AMMI_n$).

A estimação dos efeitos principais na parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais) foi realizada pela análise de variância comum (univariada), aplicada à matriz de médias.

3.5.5 Análise de divergência genética

No estudo da análise de divergência para as 480 linhagens e as duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) foram utilizados os dados referentes à 13 caracteres, NDF, APF, NIF, NDM, APM, NIM, AIV, PG, PGP, PCS, NSP, AC e VA avaliados nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14.

Inicialmente, foram feitas análises univariadas para os dois experimentos com manejos distintos de doenças com aplicações de fungicidas, conforme o delineamento experimental de blocos aumentados de Federer para todos os caracteres, conforme a eq. 24:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + c_j + e_{(ijk)} \quad (24)$$

em que:

Y_{ij} : valor observado referente ao genótipo i e no conjunto j;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i : efeito fixo do genótipo i, sendo (i = 1,...,g);

c_j : é o efeito aleatório do conjunto j, sendo (j = 1,...,c);

$e_{(ij)}$: efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu o genótipo *i* dentro do conjunto *j*, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com médio zero e variância σ^2.

Em seguida, os dados para os caracteres avaliados nos dois anos agrícolas foram submetidos à análise de variância conjunta, conforme a eq. 25:

$$Y_{ijklm} = \mu + g_i + f_j + a_m + c_l(af)_{mj} + (ag)_{mi} + (gf)_{ij} + gfa_{ijm} + \varepsilon_{ijklm} \quad (25)$$

em que:

Y_{ijklm} : observação referente ao genótipo “i”, no fungicida “j”, no local “k”, no conjunto “l” e no ano “m”;

μ: efeito fixo da média geral do experimento;

g_i: efeito fixo do i-ésimo genótipo (i = 1, 2, ..., g);

f_j : efeito fixo do j-ésimo fungicida (j = 1, 2, ..., f);

a_m: efeito aleatório do m-ésimo ano (m = 1,...,a);

$c_l(af)_{mj}$: efeito aleatório do l-ésimo conjunto dentro do m-ésimo ano e j-ésimo fungicida;

$(ag)_{mi}$: efeito aleatório da interação do m-ésimo ano com o i-ésimo genótipo;

$(gf)_{ij}$: efeito fixo da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo fungicida;

gfa_{ijm} : efeito aleatório da interação entre o i-ésimo genótipo, j-ésimo fungicida e o m-ésimo ano;

ε_{ijkml} : erro aleatório associado à parcela “ijkml”, admitindo ser independente e com distribuição normal de média e variância σ^2.

A quantificação da divergência genética entre as populações de soja foi realizada em duas fases. Na primeira foram estimadas as medidas de dissimilaridade entre as linhagens, e na segunda fase, a partir das medidas de dissimilaridade, foi utilizada uma técnica de identificação e agrupamento. A medida de dissimilaridade foi avaliada pela distância Euclidiana Média, pelo fato dos experimentos não terem sido conduzidos com repetição. O método de agrupamento adotado foi o algoritmo de otimização de Tocher.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2008). A descrição das análises para o estudo de divergência genética citadas abaixo são representadas conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012).

3.5.5.1 Padronização dos dados

Antes de se obter as distâncias de dissimilaridade e realizar a análise de agrupamentos, foi feita a padronização dos dados, devido às diferentes unidades de mensuração. Assim, o cálculo da distância Euclidiana Média foi feito a partir dos dados padronizados, de maneira que os valores padronizados apresentaram média 0 e variância constante 1. Para a padronização, a média X_{ij} obtida no caráter j da linhagem i, foi dividida pelo desvio padrão (S_j) do correspondente caráter j, gerando a média reduzida Z_{ij} de variância unitária, para isso foi utilizada a eq. 26:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)} \tag{26}$$

em que:

Z_{ij} : valor padronizado;

X_{ij} : valor do i-ésimo genótipo em relação ao j-ésimo caráter;

S_j : desvio padrão do caráter j.

3.5.5.2 Matrizes de distância

Após a padronização dos dados, foram obtidas três matrizes de distância: a primeira matriz reuniu os dados obtidos em 2012/13 e 2013/14 nos experimentos

com os dois manejos de doenças com fungicidas (DFC e FAS), conforme detalhado no item 3.1 anterior; a segunda matriz foi obtida com os dados coletados nos experimentos com manejo de DFC, nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14; a terceira matriz com as distâncias obtidas entre as linhagens, considerando-se, simultaneamente, os dados obtidos para os caracteres avaliados nos experimentos com manejo FAS (controle de ferrugem e da demais DFC) nos dois anos agrícolas, para considerar a interação linhagens x fungicidas e genótipos x anos na detecção de divergência entre as linhagens. Como a finalidade desta parte da pesquisa é quantificar a divergência genética, foram utilizadas apenas as médias dos caracteres avaliados nas linhagens, considerando todos os experimentos (manejo FAS, manejo DFC e combinação FAS + DFC), desprezando-se o estudo da interação genótipos por ambientes.

As distâncias Euclidiana Média entre as linhagens para quantificar a dissimilaridade para as variáveis quantitativas foram obtidas utilizando-se a seguinte eq. 27:

$$d_{ii''} = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2} \qquad (27)$$

em que:

$d_{ii'}$= distância Euclidiana entre o par de genótipos i e i';

n = número de caracteres em estudo;

X_{ij}: observação no i-ésimo genótipo em relação ao j-ésimo caráter estudado.

3.5.5.3 Método de agrupamento

A partir das matrizes de dissimilaridade, as linhagens foram agrupadas pelo método de Otimização de Tocher. Foram realizados três tipos de agrupamentos: o primeiro agrupamento considerou os dados obtidos nos experimentos com manejo FAS nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14; o segundo agrupamento envolveu os dados obtidos para os caracteres avaliados nos experimentos com manejo DFC, nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14; o terceiro agrupamento reuniu os dados obtidos nos experimentos com manejo FAS mais DFC, nos dois anos agrícolas.

Para a obtenção dos agrupamentos utilizando o algoritmo de Otimização de Tocher, na matriz de dissimilaridade foi identificado o par de genótipos mais

similares, que formam o grupo inicial. Outros genótipos foram incluídos no grupo, adotando-se o critéiro de que a média das medidas de dissimilaridade intragrupo deve ser inferior a distância média entre os grupos. Os genótipos foram incluidos no grupo por meio da comparação entre o valor médio da distância dentro do grupo e um valor máximo (θ) permitido, definido como a medida de dissimilaridade encontrada no conjunto das menores distâncias representando cada genótipo.

A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada considerando as equações 28 e 29:

$$\frac{d(grupo)k}{n} \leq \theta \qquad (28)$$

Por outro lado, se

$$\frac{d(grupo)k}{n} > \theta \qquad (29)$$

em que o genótipo k não foi incluído no grupo.

Nessas equações tem-se que:

n = número de genótipos do grupo original.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelo genótipo ij foi obtida pela eq. 30:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk} \qquad (30)$$

sendo:

d_{ik}= distância entre os genótipos i e k;

d_{jk}= distância entre os genótipos j e k.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de resíduos mostrou que os resíduos não apresentaram distribuição normal, sendo necessário transformar os dados. No ano agrícola 2011/12, para os 78 dados do experimento com manejo FAS (aplicações do fungicida Opera & Nativo para controle da ferrugem e das doenças de fim de ciclo) foram observados os seguintes número de “outliers” para cada caráter: um (1,28%) para o número de vagens por planta (NVP), um (1,28%) para o peso de grãos por planta (PGP) e um (1,28%) outlier para altura de inserção da primeira vagem (AIV). Para o experimento com manejo DFC (aplicações do fungicida Derosal para controle das doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem), em 78 observações, foram detectados: um (1,28%) outlier para o número de vagens por planta (NVP), um (1,28%) para valor agronômico (VA) e um (1,28%) para o peso de grãos (PGP). Para o ano agrícola 2012/13, no experimento com manejo FAS, detectou-se outliers para a altura da planta no florescimento (três, 0,56%), altura de inserção da primeira vagem (três, 0,56%), peso de grãos da planta (quatro, 0,76%) e acamamento (quatro, 0,76%) das 482 observações. Também em 2012/13, no experimento com manejo DFC, foram observados outliers para a altura da planta no florescimento (três, 0,56%), altura de inserção da primeira vagem (dois, 0,38%), peso de grãos da planta (quatro, 0,76%), acamamento (um, 0,18%) e valor agronômico (dois, 0,38%). Já no ano agrícola 2013/14, verificou-se outliers para a altura da planta no florescimento (um, 0,18%), para altura de inserção da primeira vagem (três, 0,56%), para peso de grãos da planta (cinco, 0,94%) e para acamamento (dois, 0,38%) no experimento com manejo FAS; por outro lado, no experimento com manejo DFC, foram observados cinco (0,94%) outliers para altura da planta no florescimento (APF), dois (0,38%) para AIV, quatro (0,75%) para PGP e dois (0,38%) para AC. Portanto, a ocorrência de “outliers” foi relativamente comum entre os experimentos, mas sempre em baixa frequência.

A transformação dos dados, por meio do teste Box e Cox, obteve as seguintes estimativas do parâmetro de transformação λ: em 2008/09, $\lambda = 0{,}96$ para produtividade de grãos; em 2011/12,$\lambda = 0{,}30$ para altura de inserção da primeira vagem (AIV); $\lambda = 0{,}21$ para número de vagens da planta (NVP); $\lambda = 0{,}16$ para peso de grãos da planta (PGP); $\lambda = 0{,}48$ para acamamento (AC) e $\lambda = 0{,}21$ para valor agronômico (VA).

Já para os dados dos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14 foram feitas transformações em $(X + 0,5)^{0,5}$ para os caracteres APF, AIV, PGP, AC e VA; já para NSV, NVP, os dados foram transformados em $X^{0,5}$.

As médias apresentadas nas tabelas dos testes de agrupamento de médias são dos dados originais.

4.1 Caracterização agromorfológica

Observou-se variações entre populações para todos os caracteres qualitativos, exceto para cor do tegumento (Tabela 3).

Em relação à cor das flores, 15 populações, incluindo-se as duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), apresentaram flores brancas e as demais (11), flores roxas. Em soja, além das cores de flores comuns, branca e roxa, também podem ocorrer variações (DELLAGOSTIN et al., 2011). Estes autores ao quantificar a divergência genética de população segregante de soja, por meio de marcadores morfológicos e marcadores moleculares (AFLP, SSR e RAPD), para caracteres morfológicos das sementes, observaram coloração branca em todas as populações estudadas. A cor das flores é o caráter mais utilizado pelos melhoristas para diferenciar plantas híbridas de plantas autofecundadas durante os cruzamentos em soja: se o genitor usado como macho apresentar flores roxas (alelo dominante) e o genitor usado como fêmea possuir flores brancas (alelo recessivo), os descendentes de cruzamentos terão flores roxas, enquanto que as plantas derivadas de autofecundações terão flores brancas.

No que se refere à coloração das vagens, 24 populações, incluindo as duas testemunhas, apresentaram cor marrom e duas coloração preta (P11=USP 04-17.039 e P21= USP 98-13.009). Para a coloração da pubescência, 20 das populações apresentaram a cor cinza, e apenas quatro populações e as testemunhas apresentaram coloração marrom. Dellagostin et al. (2011), também encontraram pubescência com cores marrom e cinza em populações de soja.

Foi observada variação na coloração do hilo. Além da cor marrom observada em 17 populações, também foram observadas as cores creme em cinco populações, preta na população USP 04-18.092 (1) e cinza na USP 04-17.039 (11). Dellagostin et al. (2011), avaliaram caracteres morfológicos da semente em soja, e, observaram sementes com hilo marrom ou preto. Rossini et al. (1995), em estudo com 26

cultivares de soja, observaram variações quanto à cor do hilo, relatando que diferentes cores podem ser encontradas entre cultivares distintas e, eventualmente, entre plantas de uma mesma cultivar. Embora seja muito influenciado pelo ambiente, por exemplo tipo de clima e de solo, a cor do hilo é um caráter comumente usado na descrição e identificação de cultivares, principalmente durante as multiplicações de sementes em lotes de agricultores cooperados. A cor do hilo apresenta maior importância comercial para as cultivares de soja tipo alimento, com preferência por cores claras, com contraste mínimo com a cor amarela do tegumento.

Com relação à cor do tegumento, não foi observada variabilidade. Todas as populações apresentaram coloração amarela ou creme, ou seja, a cor de tegumento das sementes comumente encontrada na soja comercial (tipos grão ou commodity). Outras cores de tegumento das sementes, como preto, marrom, amarelo e verde, têm pequeno valor comercial. Dellagostin et al. (2011) observaram as seguintes variações na cor do tegumento: preta, amarela e camurça.

As cores da pubescência, do tegumento e do hilo são fundamentais na identificação de misturas de cultivares (ROSSINI et al., 1995), no entanto, a cor do hilo somente deve ser utilizada com base em critérios bastante rigorosos que levem em consideração a influência do ambiente na expressão deste caráter.

Tabela 3 - Caracterização agromorfológica de 24 populações (P1 a P24) e duas testemunhas (T1 e T2) de soja com base em cinco caracteres qualitativos. Média de dois experimentos com manejo FAS (aplicações de fungicidas Opera & Nativo para controle da ferrugem e de outras doenças de fim de ciclo = DFC) e DFC (aplicações de Derosal para controle de DFC), 2011/12, Piracicaba - SP

Símbolo	Populações	Caracteres				
		Cor das flores	Cor das vagens	Cor da pubescência	Cor do tegumento	Cor do hilo
P1	USP 04-18.092	Roxa	Marrom	Marrom	Creme	Preto
P2	USP 10-10	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P3	USP 04-17.027	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Creme
P4	USP 04-18.111	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P5	USP 02-18.063	Branca	Marrom	Marrom	Creme	Marrom
P6	USP 04-18.063	Roxa	Marrom	Marrom	Creme	Marrom
P7	USP 04-18.069	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Creme
P8	USP 02-16.120	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P9	USP 02-16.051	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P10	USP 02-16.045	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P11	USP 04-17.039	Branca	Preta	Marrom	Creme	Cinza
P12	USP 05-17	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P13	USP 02-16.122	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P14	USP 97-08.057	Branca	Marrom	Marrom	Creme	Creme
P15	USP 10-24	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P16	USP 02-16.074	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P17	USP 04-17.011	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P18	USP 04-18.091	Roxa	Marrom	Marrom	Creme	Marrom
P19	USP 02-16.140	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P20	USP 08-04	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P21	USP 98-13.009	Branca	Preta	Cinza	Creme	Marrom
P22	USP 11-12	Roxa	Marrom	Cinza	Creme	Marrom
P23	USP 02-16.182	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Creme
P24	USP 02-16.179	Branca	Marrom	Cinza	Creme	Creme
T1	BRS 133	Branca	Marrom	Marrom	Creme	Preto
T2	Monsoy 8001	Branca	Marrom	Marrom	Creme	Preto

De acordo com a Tabela 4, as análises de variância individuais dos experimentos com o manejo (FAS) de doenças com fungicidas e doenças de fim de ciclo, detectaram diferenças significativas entre as populações (P) para a maioria caracteres quantitativos avaliados, ou seja, 12 dentre o total de 14 caracteres avaliados; este resultado indiciou que pelo menos uma população diferiu significativamente das demais; com isto, também foi evidenciada a existência de

variabilidade genética entre as populações em estudo. Todavia, para os caracteres produtividade de grãos (PG) e número de sementes por planta (NSP) não foi detectada diferença significativa entre as populações.

Tabela 4 - Análises de variância individuais para 14 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo FAS (controle da ferrugem asiática e outras doenças de fim de ciclo) com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2011/12, Piracicaba - SP

(continua)

Fonte de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF(dias)	APF(cm)	NIF	NDM(dias)	APM(cm)
Repetições	2	5,453	31,923	1,065	4,354	437,556*
Genótipos	25	40,904**	328,807**	1,347**	29,768**	998,507**
Populações (P)	23	35,300**	335,783**	1,394**	19,753**	1071,652**
Testemunhas(T)	1	1,224	3,496	1,042	4,860	37,951
P *vs* T	1	209,478**	493,654**	0,582	285,024**	276,731
Resíduo	50	1,94	33,175	0,522	2,659	114,313
Média populações		55,698	61,602	10,771	130,563	96,256
Média testemunhas		61,848	71,043	10,447	137,737	103,335
CV(%)		2,48	9,24	6,72	1,24	11,05

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NIM	AIV(cm)	PG(kg ha^{-1})	PCS(g)	PGP(g)
Repetições	2	1,032	0,034	118032	1,209	0,146
Genótipos	25	7,323**	0,538**	432224**	8,952**	0,203
Populações(P)	23	7,619**	0,582**	417721**	7,272**	0,197
Testemunhas(T)	1	0,017	0,054	175959	0,187	0,160
P *vs* T	1	7,824**	0,022	1022077*	56,369**	0,378
Resíduo	50	0,962	0,169	147350	0,500	0,178
Média populações		14,861	20,825	3567	15,830	18,030
Média testemunhas		16,050	19,990	3996	12,640	20,717
CV(%)		6,56	8,38	10,66	4,54	11,58

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e para a maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e na maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e na maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para AIV valor de λ=0,96 e PGP λ=0,16.

Tabela 4 - Análises de variância individuais para 14 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2011/12, Piracicaba - SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]			
		NSP	NVP	AC	VA
Repetições	2	0,401	0,173	0,116	0,046
Genótipos	25	2,951*	0,754**	0,305**	0,255**
Populações(P)	23	2,319	0,703**	0,330**	0,273**
Testemunhas(T)	1	1,904	0,327	0,022	0,020
P *vs* T	1	18,539**	2,336**	0,010	0,074
Resíduo	50	1,406	0,304	0,049	0,046
Média populações		111,155	65,461	2,000	3,569
Média testemunhas		155,278	83,430	1,583	3,917
CV(%)		10,15	8,26	13,83	10,79

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para NVP valor de λ=0,21, AC λ=0,48 e VA λ=1,50.

O contraste populações *vs* testemunhas (P*vs*T) foi significativo para oito dos 14 caracteres avaliados, exceto para número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), peso de grãos da planta (PGP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA) (Tabela 4).

A Tabela 4 também mostra que os coeficientes de variação (CV) oscilaram entre os caracteres, de 1,24% para o número de dias para a maturidade (NDM) a 13,83% para acamamento (AC); já a produtividade de grãos mostrou ordenamento relativamente intermediário com CV = 10,66%. Em geral, para todos os caracteres, os CV observados podem ser classificados como de boa a alta precisão experimental (PIMENTEL-GOMES, 2009). A variação de CV entre os caracteres é muito comum na pesquisa agronômica, dependendo em grande parte do tipo de herança (número de genes) de cada caráter; os caracteres quantitativos tendem a ter CV maiores que os caracteres qualitativos.

Na Tabela 5, os resultados das análises de variância individuais para o experimento com manejo DFC (aplicações do fungicida Derosal para controle somente das DFC), detectaram a existência de diferenças significativas para a fonte

de variação populações (P) para 11 dos 14 caracteres avaliados. Efeitos significativos para populações indicam a presença de variabilidade genética para estes caracteres, entre as populações. Os quatro caracteres para os quais não foi detectada diferença significativa entre populações foram: peso de grãos da planta (PGP), número de sementes da planta (NSP) e número de vagens por planta (NVP).

Tabela 5 - Análises de variância individuais para 14 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo DFC (controle das doenças de fim de ciclo) com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2011/12, Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF(dias)	APF(cm)	NIF	NDM(dias)	APM(cm)
Repetições	2	1,939	45,409	1,766*	2,373	206,073
Genótipos	25	39,602**	386,474**	1,934**	18,270**	1213,093**
Populações(P)	23	34,254**	403,594**	2,032**	12,267**	1314,239**
Testemunhas(T)	1	0,336	2,458	0,785	0,936	71,415
P *vs* T	1	201,856**	376,733**	0,819	173,712**	28,414
Resíduo	50	1,897	32,453	0,389	1,260	84,068
Média populações		56,886	64,199	10,886	127,085	96,382
Média testemunhas		62,433	72,447	10,502	132,690	98,647
CV(%)		2,42	8,79	5,75	0,88	9,50

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NIM	AIV(cm)	PG(kg ha^{-1})	PGP(g)	PCS(g)
Repetições	2	0,605	0,108	179993	0,437	2,096**
Genótipos	25	6,074**	0,394**	206343*	0,211	9,564**
Populações(P)	23	6,284**	0,387**	223580*	0,229	7,607**
Testemunhas(T)	1	0,510	0,905	6016	0,002	0,064
P *vs* T	1	6,792**	0,029	10234	0,004	64,066**
Resíduo	50	0,778	0,151	109748	0,256	0,322
Média populações		14,764	21,219	3100	15,672	13,998
Média testemunhas		15,872	21,765	3058	14,925	10,597
CV(%)		5,94	7,81	10,70	14,95	4,13

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e para a maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e na maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e na maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), peso de cem sementes (PCS). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para AIV valor de λ=0,96 e PGP λ=0,16.

Tabela 5 - Análises de variância individuais para 14 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo DFC (controle das doenças de fim de ciclo) com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2011/12, Piracicaba - SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]			
		NSP	NVP	AC	VA
Repetições	2	5,287	1,636*	0,185*	0,143*
Genótipos	25	3,016	0,552	0,399**	0,149**
Populações(P)	23	3,070	0,575	0,385**	0,150**
Testemunhas(T)	1	1,354	0,395	1.10^{-29}	2.10^{-31}
P *vs* T	1	3,440	0,175	1,122**	0,181
Resíduo	50	1,820	0,374	0,057	0,034
Média populações		108,343	65,360	2,458	3,333
Média testemunhas		124,518	68,678	1,000	4,000
CV(%)		11,80	9,23	14,55	9,40

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de sementes por planta (NSP) e número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para NVP valor de λ=0,21, AC λ=0,48 e VA λ=1,50.

Já o contraste entre populações e testemunhas (P*vs*T) foi significativo para seis dos 14 caracteres avaliados: número de dias para o florescimento (NDF), para altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), peso de cem sementes (PCS), e acamamento (AC); portanto,para esses caracteres, as médias das populações diferiram estatisticamente das médias das testemunhas.

Os coeficientes de variação revelaram boa a ótima precisão experimental na avaliação dos caracteres, com uma amplitude de 0,88% para número de dias para a maturidade (NDM) a 14,95 % para peso de grãos da planta (PGP).

De acordo com a Tabela 6, a análise de variância conjunta para os dois experimentos (manejos FAS e DFC), detectou diferenças significativas entre as populações (P) para 13 dos 14 caracteres, demonstrando que há variabilidade genética entre as populações avaliadas. A exceção foi o caráter peso de grãos da planta (PGP). O efeito entre ambientes foi significativo para sete dos 14 caracteres avaliados, a saber: número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), peso de cem sementes (PCS) e acamamento (AC).

Tabela 6 - Análises de variância conjuntas para 14 caracteres quantitativos avaliados em dois experimentos, um com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e outro com manejo DFC com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja, em 2011/12, Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF (dias)	APF (cm)	NIF	NDM (dias)	APM (cm)
Repetições/E	2	3,695	38,667	1,415*	3,363	321,815*
Genótipos (G)	25	78,419**	688,764**	3,021**	44,533**	2150,635**
Populações (P)	23	67,349**	710,983**	3,144**	28,725**	2327,044**
Testemunhas (T)	1	0,139	0,046	1,817*	0,765	2,623
P*vs*T	1	411,300**	866,442**	1,389	451,881**	241,245
Ambientes (E)	1	18,526**	244,726**	0,479	505,260**	2,327
GxE	25	2,088	26,517	0,259	3,506*	60,966
Resíduo	100	1,912	5,73	0,456	1,959	99,190
Média		56,516	63,581	10,801	129,315	96,678
CV(%)		2,45	9,00	6,25	1,08	10,30

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		AIV	NIM	PG (kg ha^{-1})	PGP (g)	PCS (g)
Repetições/E	2	0,071	0,819	149013	0,292	1,650**
Genótipos (G)	25	0,767**	12,571**	445872**	0,152	18,000**
Populações (P)	23	0,822**	13,014**	461278**	0,155	14,333**
Testemunhas (T)	1	0,264	0,357	123526	0,062	0,235
P*vs*T	1	0,001	14,598**	413882	0,154	120,313**
Ambiente (E)	1	0,180	0,416	9849000**	2,616**	133,29**
GxE	25	0,165	0,825	192696	0,216	0,508
Resíduo	100	0,160	0,871	128549	0,217	0,411
Média		21,011	14,901	3348	16,926	14,661
CV(%)		8,10	6,26	10,71	13,26	4,38

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para AIV valor de λ=0,96 e PGP λ=0,16.

Tabela 6 - Análises de variância conjuntas para 14 caracteres quantitativos em dois experimentos, com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo=DFC) e outro com manejo DFC com 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2011/12, Piracicaba - SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]			
		NSP	NVP	AC	VA
Repetições/E	2	2,844	0,901*	0,151*	0,094
Genótipos (G)	25	3,921**	0,888**	0,594**	0,360**
Populações (P)	23	3,436**	0,882**	0,617**	0,381**
Testemunhas (T)	1	0,023	0,002	0,011	0,010
P*vs*T	1	18,975**	1,894*	0,663**	0,237*
Ambientes (E)	1	2,378	0,077	0,402**	0,079
GxE	25	2,045	0,418	0,109**	0,043
Resíduo	100	1,613	0,339	0,051	0,040
Média		112,068	66,229	2,157	3,490
CV(%)		10,99	8,75	14,23	10,14

* e**: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo para NVP valor de λ=0,21, AC λ=0,48 e VA λ=1,50.

Também na Tabela 6, observou-se efeito significativo para a interação G x E somente para NDM e AC, mostrando que os efeitos somente entre populações e entre ambientes não foram suficientes para explicar as variações observadas para esses dois caracteres, ou seja, as populações tendem a não apresentar comportamentos semelhantes quando submetidas às diferentes condições ambientais. Os coeficientes de variação foram baixos a ótimos para todos os caracteres, variando de 1,08% para NDM a 14,23% para AC.

A Tabela 7 mostrou que as populações apresentaram variabilidade para todos os caracteres quantitativos avaliados e o teste Scott e Knott agrupou as populações em dois ou mais grupos. Foi detectado efeito significativo para número de dias para o florescimento (NDF) e o teste de Scott e Knott levou à formação de seis grupos, oscilando de 51,0 dias para a população USP 04-18.092 (P1) a 65,1 dias para a população USP 97-08.057 (P14). As populações USP 04-18.092 (P1), USP 04-17.039 (P11) e USP 98-13.009 (P21), destacaram-se por apresentar as menores médias, 51,0, 51,9 e 51,9 dias, respectivamente, sendo, portanto, consideradas as mais precoces em florescimento. Por outro lado, a população USP 97-08.057 (P14),

apresentou-se mais tardia em treze dias, com média igual a 65,1 dias para o florescimento.

Atualmente, os programas de melhoramento genético de soja objetivam cultivares de soja mais precoces. Almeida, Peluzio e Afféri (2011), avaliaram a divergência genética entre doze cultivares de soja sob condições de várzea irrigada, no Sul do Estado do Tocantins e obtiveram valores inferiores (35,67 a 41,67 dias) para o número de dias para o florescimento, aos observados nessa pesquisa. Valores inferiores, variando de 34,50 a 47,00 dias foram encontrados por Selestrino et al. (2014), em estudo sobre o desempenho agronômico de genótipos precoces de soja na região Mogiana do Estado de São Paulo. Segundo Almeida et al. (2013), para que as plantas de soja apresentem alto potencial produtivo é necessário um intervalo entre 45 e 58 dias para o pleno florescimento. Mundstock e Thomas (2005), relataram que um período vegetativo variando entre 50 e 55 dias pode proporcionar altos valores na produtividade.

Ainda de acordo com a Tabela 7, para o número de dias para a maturidade (NDM) foram formados três grupos, com as médias variando de 124,0 para a população USP 04-17.039 (P11) a 135,3 dias para a Monsoy 8001 (P26). A população USP 97-08.057 (P14) foi a mais tardia, com média de maturação de 135,31 dias. Almeida Peluzio e Afféri (2011) obtiveram valores menores para NDM, com média geral de 93,33 dias. Selestrino et al. (2014) verificaram genótipos com médias entre 100 e 106 dias para o NDM, ao avaliarem o desempenho agronômico de genótipos precoces de soja no Estado de São Paulo.

A soja é uma cultura bastante influenciada pelas condições climáticas, apresentando exigências fotoperiódica e térmica para seu desenvolvimento, possibilitando diferentes datas de semeadura e colheita. Com isto, pode-se reduzir os riscos de ocorrência de período prolongado de estresse hídrico durante o florescimento e a granação (enchimento de grãos), bem como da ocorrência de excesso hídrico, próximo à colheita (PELUZIO et al., 2006), tornando o NDF e o NDM caracteres relevantes durante a prática de seleção. Segundo Malek et al. (2014) o NDM está fortemente associado à produtividade de grãos, sobre a qual desempenha efeitos diretos.

Tabela 7 - Médias* de 14 caracteres quantitativos avaliados em 24 populações (P1 a P24) e duas testemunhas (T1 e T2) de soja. Médias (6 parcelas= 2 experimentos x 3 repetições) de dois experimentos, com manejos distintos de doenças (DFC, com controle de doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem; FAS, com controle da ferrugem e outras DFC), 2011/12, Piracicaba - SP

(continua)

Ordem	Populações	Médias dos caracteres [a]					
		NDF (dias)	APF (cm)	NIF	NDM (dias)	NIM	APM (cm)
P1	USP 04-18.092	51,0 f	60,9 d	10,2 b	127,3 c	14,8 b	99,3 c
P2	USP 10-10	55,3 e	53,9 f	10,7 b	129,3 c	14,2 c	84,4 d
P3	USP 04-17.027	63,6 b	90,8 a	11,9 a	129,1 c	18,8 a	150,8 a
P4	USP 04-18.111	60,1 c	72,4 b	11,6 a	128,5 c	15,8 b	106,0 c
P5	USP 02-18.063	57,4 d	67,4 c	10,9 b	128,4 c	15,3 b	90,3 d
P6	USP 04-18.063	57,2 d	63,5 d	11,7 a	127,7 c	15,0 b	86,0 d
P7	USP 04-18.069	56,5 d	63,0 d	11,6 a	127,7 c	14,8 b	89,2 d
P8	USP 02-16.120	61,5 c	72,1 b	11,9 a	128,6 c	15,5 b	98,6 c
P9	USP 02-16.051	53, 8 f	48,1 g	10,4 b	127,1 c	13,1 c	71,8 d
P10	USP 02-16.045	54,1 f	57,2 e	10,9 b	127,4 c	13,3 c	84,9 d
P11	USP 04-17.039	51,9 f	55,3 f	11,2 a	124,0 c	18,6 a	128,6 b
P12	USP 05-17	55,0 e	57,8 e	10,6 b	128,3 c	14,2 c	87,2 d
P13	USP 02-16.122	55,6 e	57,0 e	10,7 b	128,9 c	14,0 c	85,3 d
P14	USP 97-08.057	65,1 a	92,7 a	9,8 c	135,3 a	15,4 b	117,9 b
P15	USP 10-24	54,8 e	55,7 f	10,6 b	129,7 c	14,2 c	82,8 d
P16	USP 02-16.074	54,6 e	57,8 e	10,9 b	128,4 c	14,0 c	85,8 d
P17	USP 04-17.011	54,6 e	58,5 e	10,7 b	129,6 c	13,9 c	83,4 d
P18	USP 04-18.091	57,9 d	71,4 b	12,1 a	132,2 b	15,3 b	98,4 c
P19	USP 02-16.140	53,4 f	59,0 e	10,8 b	129,5 c	13,6 c	85,3 d
P20	USP 08-04	56,2 d	61,2 d	10,9 b	128,8 c	14,6 c	86,4 d
P21	USP 98-13.009	51,9 f	55,8 f	9,7 c	125,3 d	16,3 b	139,9 a
P22	USP 11-12	55,4 e	53,5 f	10,7 b	130,1 c	13,9 c	82,9 d
P23	USP 02-16.182	54,4 f	68,5 c	10,1 c	129,3 c	14,4 c	105,0 c
P24	USP 02-16.179	56,0 d	55,4 f	9,3 c	131,3 b	12,8 c	81,4 d
T1	BRS 133	62,0 b	71,7 b	10,1 c	135,0a	16,1 b	100,5 c
T2	Monsoy 8001	62,2 b	71,8 b	10,9 b	135,5 a	15,8 b	101,4 c

*: Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. [a]Número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de internódios no florescimento (NIF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM) e altura da planta na maturidade (APM).

Tabela 7 - Médias* de 14 caracteres quantitativos avaliados em 24 populações (P1 a P24) e duas testemunhas (T1 e T2) de soja. Médias (6 parcelas= 2 experimentos x 3 repetições) de dois experimentos, com manejos distintos de doenças (DFC, com controle de doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem; FAS, com controle da ferrugem e outras DFC), 2011/12, Piracicaba - SP

(continuação)

Ordem	Populações	Médias dos caracteres [a]				
		AIV (cm)	PG (kg ha^{-1})	PGP (g)	PCS (g)	NSP
P1	USP 04-18.092	20,1 g	3052 b	19,0 b	14,7 d	121,1 f
P2	USP 10-10	20,0 g	3387 b	15,0 f	15,4 c	95,7 m
P3	USP 04-17.027	27,9 a	2858 b	18,2 c	15,0 c	117,5 g
P4	USP 04-18.111	26,4 b	3869 a	15,5 e	13,1 e	109,5 i
P5	USP 02-18.063	20,4 f	3225 b	17,4 d	16,4 b	109,8 i
P6	USP 04-18.063	22,1 d	3761 a	18,2 c	15,9 b	111,7 h
P7	USP 04-18.069	22,6 d	3403 b	16,9 d	13,9 d	116,2 g
P8	USP 02-16.120	21,7 e	3279 b	19,1 a	12,8 e	147,9 a
P9	USP 02-16.051	17,4 h	3247 b	14,7 f	16,0 b	96,3 m
P10	USP 02-16.045	24,0 c	3388 b	14,6 f	16,2 b	85,3 o
P11	USP 04-17.039	27,9 a	3228 b	17,1 d	17,5 a	99,6 l
P12	USP 05-17	19,7 g	3166 b	20,0 a	14,2 d	140,8 c
P13	USP 02-16.122	17,4 h	3708 a	18,7 b	15,2 c	120,0 f
P14	USP 97-08.057	16,4 i	3022 b	18,5 c	10,1 g	134,6 e
P15	USP 10-24	21,8 e	3616 a	13,1 g	15,0 b	83,2 p
P16	USP 02-16.074	22,4 d	3248 b	14,4 f	15,7 c	89,8 n
P17	USP 04-17.011	17,4 h	3835 a	17,2 d	15,0 c	115,3 g
P18	USP 04-18.091	19,8 g	2888 b	17,5 d	12,8 e	134,4 e
P19	USP 02-16.140	16,4 i	3357 b	16,2 e	15,4 c	106,6 j
P20	USP 08-04	19,8 g	3321 b	15,7 e	15,6 c	95,8 m
P21	USP 98-13.009	20,8 f	3059 b	18,1 c	17,0 a	102,2 k
P22	USP 11-12	19,3 g	3354 b	16,0 e	15,3 c	102,1 k
P23	USP 02-16.182	22,3 d	3184 b	18,3 c	15,2 c	95,4 m
P24	USP 02-16.179	20,6 f	3553 a	14,8 f	14,7 d	103,1 k
T1	BRS 133	19,6 g	3425 b	16,8 d	11,5 f	137,0 d
T2	Monsoy 8001	22,2 d	3628 a	18,8 b	11,8 f	142,8 b

*: Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. [a]Altura de inserção da primeira vagem (AIV), peso de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), número de sementes da planta (NSP).

Tabela 7 - Médias* de 14 caracteres quantitativos avaliados em 24 populações (P1 a P24) e duas testemunhas (T1 e T2) de soja. Médias (6 parcelas= 2 experimentos x 3 repetições) de dois experimentos, com manejos distintos de doenças (DFC, com doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem; FAS, com controle da ferrugem e outras DFC), 2011/12, Piracicaba - SP (conclusão)

Ordem	Populações	Média dos caracteres [a]		
		NVP	AC	VA
P1	USP 04-18.092	74,2 f	4,81 a	2,17 e
P2	USP 10-10	60,5 k	1,82 h	4,33 a
P3	USP 04-17.027	65,8 h	4,22 b	2,17 e
P4	USP 04-18.111	63,7 i	4,30 b	2,00 e
P5	USP 02-18.063	70,8 g	2,70 e	3,67 c
P6	USP 04-18.063	65,6 h	1,73 h	4,50 a
P7	USP 04-18.069	71,1 g	2,00 g	3,83 c
P8	USP 02-16.120	91,6 a	2,53 f	3,83 a
P9	USP 02-16.051	58,0 l	1,74 h	4,50 a
P10	USP 02-16.045	50,8 o	2,00 g	3,83 c
P11	USP 04-17.039	47,1 p	3,01 e	3,67 c
P12	USP 05-17	82,4 b	4,00 c	2,83 d
P13	USP 02-16.122	71,4 g	2,22 g	4,00 b
P14	USP 97-08.057	74,8 f	4,55 a	1,83 f
P15	USP 10-24	53,4 n	1,51 h	4,50 a
P16	USP 02-16.074	55,0 m	1,72 h	4,50 a
P17	USP 04-17.011	71,3 g	2,21 g	3,83 c
P18	USP 04-18.091	79,0 c	3,53 d	2,83 d
P19	USP 02-16.140	61,1 j	2,52 f	2,83 d
P20	USP 08-04	58,2 l	2,25 g	4,00 b
P21	USP 98-13.009	57,7 l	4,51 a	1,67 f
P22	USP 11-12	65,0 h	1,70 h	4,33 a
P23	USP 02-16.182	59,8 k	2,80 e	3,67 c
P24	USP 02-16.179	61,5 j	1,70 h	3,50 c
T1	BRS 133	75,6 e	1,79 h	3,83 c
T2	Monsoy 8001	76,5 d	1,81 h	4,08 b

*: Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. [a]Número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

De acordo com a Tabela 7, as populações demonstraram variabilidade para o número de internódios no florescimento (NIF) e para o número de internódios na maturidade (NIM), ocorrendo a formação de três grupos para ambos os caracteres. As médias para o NIF oscilaram entre 9,3 internódios para a população USP 02-16.179 (P24) a 12,1 para a população USP 04-18.091 (P18). Em todas as populações foi observado aumento no número de internódios entre o florescimento e a maturidade, indicando que as populações devem variar também em relação ao hábito de crescimento (determinado, indeterminado e semi-determinado).

As médias de NIM, variaram entre 12,8 internódios para a população USP 02-16.179 (P24) e 18,8 internódios para a população USP 04-17.027 (P3). O número de nós férteis é considerado um importante caráter morfofisiológico, devido se relacionar à produtividade de grãos da planta de soja, uma vez que os mesmos representam os pontos para surgimento de gemas e vagens, conforme Mauad et al. (2010) e Navarro Júnior e Costa (2002). Assim, o número de nós por planta e o número de flores por nó determinam o número de flores por planta, que por sua vez, determina o número de vagens por planta.

Para altura da planta no florescimento (APF), foram formados sete grupos, com a população USP 02-16.051 (P9) apresentando o menor valor (48,0 cm) e a população USP 97-08.057 (P14) o maior valor (92,7 cm). Diniz et al. (2014), ao avaliarem genótipos de soja de ciclo precoce no município de Ituverava - SP, obtiveram valores próximos aos observados no presente estudo, ou seja, médias entre 55,3 e 91,2 cm. Já os valores obtidos por Almeida et al. (2013) ao analisarem o desempenho agronômico de linhagens de soja, obtiveram valores de APF variando de 25,0 a 42,3 cm, limites estes inferiores aos obtidos nesse estudo. Conforme relatado por Câmara et al. (1998), a altura da planta no início do florescimento deve ser de no mínimo 50 cm. A época atrasada de semeadura, o baixo estande de plantas e a competição com plantas daninhas são fatores que podem dificultar o crescimento das plantas de soja, e consequentemente, reduzir a APF. Segundo Vello[1], a relação entre APF e APM varia em função de vários fatores, com destaque para o hábito de crescimento; em média, esta relação é igual a 0,9/0, 7/0,5, respectivamente, para hábito de crescimento determinado/semi-determinado/indeterminado (informação verbal).

[1] VELLO, Natal Antonio. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Também na Tabela 7, observa-se que as populações foram diferenciadas em nove grupos para altura de inserção da primeira vagem (AIV), com médias variando de 16,4 cm para a população USP 02-10.140 (P19) a 27,9 cm para USP 04-17.027 (P3). Todas estas médias são superiores ao limite de AIV = 10 cm relatado por Valadão Júnior et al. (2008) para cultivares de soja, uma vez que valores menores de AIV poderiam levar a perdas durante a colheita mecanizada, em função da altura de corte da plataforma da colheitadeira (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2011).

Para APM, as populações foram discriminadas em quatro grupos, com valores entre 71,8 cm para a população USP 02-16.051 (P9) e 150,8 cm para USP 04-11.027 (P3). Já, as populações USP 04-17.027 (P3), USP 04-17.039 (P11) e USP 98-13.009 (P21), apresentaram altura da planta acima de 121 cm. Rezende e Carvalho (2007) e Campos et al. (2010) consideraram que a altura entre 60 e 120 cm é desejável para que não ocorra perda de grãos durante a colheita mecanizada. Almeida, Peluzio e Afféri (2011) e Peluzio et al. (2009) relataram uma altura de planta ideal entre 60 e 80 cm.

A altura da planta é de fundamental importância na recomendação de cultivares de soja para uma determinada região, por estar relacionada com a produtividade de grãos, controle de plantas daninhas e perdas durante a colheita mecanizada (ROCHA et al., 2012), bem como com o NIM, o hábito de crescimento e o grau de acamamento.

Ainda na Tabela 7, as variáveis que possibilitaram maior discriminação entre os genótipos foram número de vagens por planta (NVP) e número de sementes por planta (NSP), resultando na formação de 16 grupos. O NVP apresentou uma média geral igual a 66,2 vagens e o NSP um valor médio igual a 112,2 sementes. A população USP 02-16.120 (P8) foi a que apresentou maior média, tanto para o NVP (91,6 vagens) quanto para NSP (147,9 sementes). Selestrino et al. (2014) obtiveram valores inferiores (49,6 a 101,9 vagens) aos observados nesse estudo para o número de vagens, ao avaliarem genótipos precoces de soja no Estado de São Paulo. Os valores para NVP observados nessa pesquisa (47,1 a 91,6 vagens) foram superiores aos valores (25,8 a 44,7 vagens), obtidos por Almeida, Peluzio e Afféri (2011), em estudo da divergência genética entre doze cultivares de soja sob condições de várzea irrigada, no Sul do Estado do Tocantins. Média de 127 vagens por planta e número de sementes por planta variando entre 37 e 286 sementes foram observados por Santos et al. (2011) ao quantificar a divergência genética

entre 48 genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada no Estado do Tocantins. O número de vagens por planta é um caráter relevante, por ser considerado como o principal componente da produtividade (BORDIGNON et al., 2015; IQBAL et al. 2010).

Ainda de acordo com a Tabela 7, observa-se que foram formados sete grupos significativamente diferentes para o peso de cem sementes (PCS). Valores médios observados para esse caráter variaram entre 10,1 e 17,5 g. Portanto todas as populações foram incluídas no intervalo entre 10 e 19 g/100 sementes da soja tipo grão ou “commodity” (VELLO, 1992; YOKOMIZO; DUARTE; VELLO, 2000; VELLO et al., 2004; VELLO; SILVA, 2006). O grupo que apresentou as maiores médias de PCS foi constituído pelas populações USP 14-17.039 (P11) e USP 98-13.009 (P21), com médias de 17,5 e 17,0 g, respectivamente. Em estudo sobre divergência genética entre genótipos de soja quanto à qualidade das sementes, realizado por Santos et al. (2012), o PCS foi o caráter que formou o maior número de grupos (oito grupos) pelo teste de Scott e Knott, com valores entre 11,45 e 20,19g. As médias obtidas no presente estudo para o PCS foram inferiores aos valores médios encontrados por Neves (2011), o qual obteve uma amplitude de 15,0 g a 20,7 g entre 18 genótipos de soja. Os resultados obtidos também são inferiores aos valores encontrados por Rocha et al. (2012), os quais estimaram valores entre 15,3 e 20,78 g, ao avaliarem 32 variedades e linhagens de soja cultivadas em condições de baixa latitude. Um menor custo de produção por área pode ser obtido com genótipos apresentando menor peso de cem sementes, acarretando num aumento na quantidade de sementes produzida, e diminuindo o tempo nos processos de germinação e emergência (PELUZIO et al., 2009).

Na Tabela 7, observa-se também que para o peso de grãos da planta (PGP), foram formados sete grupos pelo teste de Scott e Knott, com valores médios entre 13,1 para a população USP 10-24 (P15) a 20,0 gramas para a população USP 05-17 (P12). Um dos grupos formados incluiu duas populações: USP 05-17 (P12) com 20,0 g e USP 02-16.120 (P8) com média de PGP igual a 19,1 g.

Ainda de acordo com a Tabela 7, a produtividade de grãos (PG) mostrou que apenas dois grupos, apesar da ampla variação observada de 2858 a 3869 Kg ha^{-1}. Isto pode ser explicado pelo fato das seleções praticadas durante os ciclo dos programas de melhoramento terem mantido genótipos mais produtivos, com uma consequente redução da variabilidade. Destacaram-se as populações, USP 04-

12.111 (P4), USP 04-18.063 (P6), USP 02-16.122 (P13), USP 10-24 (P15) e USP 04-17.011 (P17), com médias de produtividade acima de 3600 kg ha^{-1}. Selestrino et al. (2014) observaram valores de produtividade de grãos variando de 1250 a 4854 kg ha^{-1} para genótipos precoces de soja avaliados no Estado de São Paulo. Peluzio et al. (2009), com a finalidade de quantificar a variabilidade genética das cultivares de soja, obtiveram médias variando de 2239 a 3211kg ha^{-1} inferiores às obtidas no presente estudo. O caráter produtividade de grãos é o caráter de maior importância nos programas de melhoramento genético de soja que tem o objetivo principal de aumentar a produtividade a cada ciclo (COSTA et al., 2004).

A Tabela 7 também mostra que foram formados oito grupos para o caráter acamamento (AC), com notas variando de 1,51 para a população USP 10-24 (P15) a 4,81 para USP 04-18.092 (P1), ou seja, ampla variação entre as populações. Um total de 11 populações, apresentou plantas ligeiramente acamadas, as quais se diferenciaram estatisticamente das demais. Nota-se que as populações com as maiores altura da planta também mostraram maior acamamento. Plantas mais altas possuem caules mais finos e, em consequência, são mais propensas ao acamamento (GUIMARÃES et al., 2008), o que pode dificultar a colheita mecanizada e,também levar a perdas na produtividade de grãos.

As médias para valor agronômico (VA) apresentaram o valor mínimo (1,67) para a população USP 98-13.009 (P21) e o valor máximo (4,50) para as populações USP 04-18.063 (P6), USP 02-16.051 (P9), USP 10-24 (P15) e USP 02-16.074 (P16), demonstrando ampla variabilidade para esse caráter.

A avaliação do valor agronômico e do acamamento podem auxiliar na seleção de plantas que apresentem os melhores caracteres, portanto, evitando-se os genótipos com menor potencial produtivo (YOKOMIZO; VELLO, 2003).

Os maiores destaques foram as populações USP 10-10 (P2), USP 02-16.122 (P13), USP 04-17.011 (P17), USP 08-04 (P20) e USP 11-12 (P22) com altura da planta na maturidade e altura de inserção da primeira vagem dentro dos padrões recomendados para cultivares comerciais de soja, além de boa produtividade de grãos, alto número de sementes por planta, bom valor agronômico e valores relativamente baixos de acamamento.

A Tabela 8 mostra as estimativas da taxa de reação à ferrugem com base na produtividade de grãos (FP) e com base no tamanho da sementes (FT). Para estes dois caracteres, valores próximos de zero indicam tolerância à ferrugem, enquanto

que valores altos indicam sensibilidade ao fungo (valores altos e negativos) ou ao fungicida (valores altos e positivos). Para FP, observa-se que as 22 populações mostraram-se em média (-15,4%) mais tolerantes à ferrugem do que a média (-30,7%) das duas testemunhas; a variação na FP foi de -2,11% (P17 = USP 04-17.011) a -32,15 % (P6 = USP 04-18.063). Já para a FT, as médias das populações e testemunhas foram estimadas respectivamente em -14,91% e -19,28%, com variação entre as populações de -2,91% (P11 = USP 04-17.039) a -20,48% (P15 = USP 10-24). Portanto, a variação na FP foi maior do que na FT entre as populações.

Na Tabela 8, observa-se também que os valores de FP para 23 do total de 24 populações foram inferiores à média das testemunhas, indicando que estas 23 populações apresentaram maior tolerância à ferrugem em relação às testemunhas; a única exceção foi a USP 04-18.063 (P6). Já para FT, 21 populações mostraram-se mais tolerantes que as testemunhas, excetuando-se as populações USP 10-10 (P2), USP 10-24 (P15) e USP 04-18.091 (P18). Os maiores destaques em produtividade de grãos e com dupla tolerância à ferrugem (estimativas de FP e FT menores que as testemunhas) foram as populações: USP 04-18.111 (P4) com 3869 $kg.ha^{-1}$, USP 04-17.011 (P17) com 3835 $kg.ha^{-1}$, USP 02-16.122 (P13) com 3708 $kg.ha^{-1}$ e USP 02-16.170 (P24) com 3553 $kg.ha^{-1}$. Esta estratégia de se estimar a reação à ferrugem por meio da comparação entre médias de PG e PCS em dois manejos distintos de doenças com fungicidas também foi bem sucedida em pesquisas anteriores, como por exemplo em Casas-Leal (2015), Nazato (2014), Medeiros (2009), Vieira, P. (2009) e Unfried (2007).

Tabela 8 - Médias (6 parcelas = 2 experimentos x 3 repetições) de dois experimentos e taxa de reação à ferrugem baseada na produtividade de grãos (FP) e no tamanho das sementes (FT) para as 24 populações (P1 a P24) e duas testemunhas (T1 e T2). Soja, 2011/12, Piracicaba - SP

Símbolo	Populações	Produtividade de grãos			Peso de cem sementes		
		Média (kg ha^{-1})	FP	% /test	Média (g)	FT	% /test
P1	USP 04-18.092	3052	-16,43	53,6	14,7	-13,54	70,2
P2	USP 10-10	3387	-11,01	35,9	15,4	-20,16	104,6
P3	USP 04-17.027	2858	18,23	59,5	15,0	-10,61	55,0
P4	USP 04-18.111	3869	-19,63	64,0	13,1	-18,12	94,0
P5	USP 02-16.063	3225	-11,59	37,8	16,4	-18,64	96,7
P6	USP 04-18.063	3761	-32,15	104,9	15,9	-11,57	60,0
P7	USP 04-18.069	3403	-13,82	45,1	13,9	-14,09	73,1
P8	USP 02-16.120	3279	-29,18	95,2	12,8	-12,90	66,9
P9	USP 02-16.051	3247	-10,60	34,6	16,0	-13,43	69,7
P10	USP 02-16.045	3388	-2,29	7,5	16,2	-11,59	60,1
P11	USP 04-17.039	3228	-21,95	71,6	17,4	-2,91	15,1
P12	USP 05-17	3166	-26,27	85,7	14,2	-5,39	28,0
P13	USP 02-16.122	3708	-18,84	61,4	15,2	-9,61	49,8
P14	USP 97-8.057	3022	-26,20	85,5	10,1	-15,38	79,8
P15	USP 10-24	3616	-27,41	89,4	15,0	-20,48	106,2
P16	USP 02-16.074	3248	-13,12	42,8	15,7	-7,13	37,0
P17	USP 04-17.011	3835	-2,11	6,9	14,9	-14,53	75,4
P18	USP 04-18.091	2888	-26,77	87,3	12,8	-19,61	101,7
P19	USP 02-16.140	3357	-12,78	41,7	15,4	-10,63	55,1
P20	USP 08-04	3321	-10,85	35,4	15,6	-13,80	71,6
P21	USP 98-13.009	3059	-2,37	7,7	17,00	-7,85	40,7
P22	USP 11-12	3354	-5,04	16,4	15,3	-17,83	92,5
P23	USP 02-16.182	3184	-22,67	73,9	15,2	-16,36	84,9
P24	USP 02-16.179	3553	-25,56	83,4	14,7	-14,53	75,4
T1	BRS 133	3425	-26,41	86,1	11,5	-18,77	97,4
T2	Monsoy 8001	3628	-34,91	113,8	11,8	-19,78	102,6
	Média testemunhas	3527	-30,66		11,6	-19,28	
	Média populações	3348	-15,433		14,914	-13,817	

4.2 Interação genótipos x ambientes

4.2.1 Aspectos gerais

Durante a condução dos experimentos nos cinco anos agrícolas (2007/08, 2008/09, 2009/10, 2010/11 e 2011/12), foram feitos acompanhamentos dos dados metereológicos para verificar se algumas das condições climáticas afetaram o desenvolvimento da soja e se as mesmas favoreceram a disseminação da ferrugem asiática da soja. De acordo com os dados observados na Tabela 9, verificou-se que a precipitação pluviométrica acumulada entre o meses de novembro e março foi mais elevada nos anos agrícolas 2007/08 (1188,10 mm), 2009/10 (1055,00 mm) e 2010/11 (1208,50 mm). Com isso, pode-se inferir que o índice pluviométrico supriu as necessidades hídricas para a cultura da soja por ano agrícola. A exigência hídrica da soja para obter produtividade máxima corresponde de 450 a 800 mm de água durante seu ciclo, podendo variar de acordo com as condições climáticas, o manejo da cultura e a duração do ciclo (EMBRAPA, 2011). Em todos os anos agrícolas as condições climáticas não limitaram o desenvolvimento das plantas de soja.

4.2.2 Análises de variância para as testemunhas

Os resultados obtidos nas análises de variância realizadas somente para as testemunhas detectaram efeitos significativos pelo teste F entre conjuntos experimentais para a produtividade de grãos no ambiente dois (E2(ANHUMAS:DFC)) – ano agrícola 2007/08 e no ambiente dez (E10(ESALQ:DFC)) - ano agrícola 2009/10. Dessa forma, foram realizados ajustes das médias das populações em função da média das testemunhas, para uniformização do efeito de ambiente dentro de cada conjunto. Após o ajuste das médias, a estratificação em conjuntos foi desconsiderada, realizando-se as análises para as populações com base no modelo de blocos casualizados e, considerando somente os efeitos de repetições, fungicidas, locais e anos como fonte de variação ambiental, além do resíduo. Procedimento semelhante foi utilizado por Unêda-Trevisoli (1999), Rocha (2002) e Casas-Leal (2015).

Tabela 9 - Fotoperíodo, temperatura, umidade relativa e precipitação pluviométrica, no período de novembro a abril dos anos agrícolas de 2007/08, 2008/09, 2009/10 e 2011/12, relativos à avaliação das populações experimentais de soja em Piracicaba - SP

Anos	Meses	Temperaturas (ºC)			Umidade relativa (%)	Precipitação Pluvial (mm)
		Máxima	Média	Mínima		
2007/08	Novembro	28,80	23,10	17,40	82	120,30
	Dezembro	30,80	24,80	18,80	81	188,60
	Janeiro	28,90	23,70	18,50	88	418,50
	Fevereiro	30,70	24,80	19,00	86	153,70
	Março	29,70	24,00	18,20	82	132,40
	Abril	28,00	22,60	17,10	84	174,60
2008/09	Novembro	30,10	23,90	17,60	75	24,30
	Dezembro	30,20	24,00	17,90	78	153,00
	Janeiro	28,90	24,10	19,20	84	162,00
	Fevereiro	30,60	25,30	20,10	83	143,50
	Março	30,80	25,10	19,40	79	125,10
	Abril	28,60	22,20	15,90	76	21,80
2009/10	Novembro	31,70	25,90	20,10	74	196,50
	Dezembro	29,50	24,60	19,70	79	274,30
	Janeiro	30,20	25,30	20,30	84	250,20
	Fevereiro	31,80	26,00	20,20	74	158,60
	Março	30,50	24,90	19,20	76	99,00
	Abril	28,40	22,50	16,70	74	76,40
2010/11	Novembro	30,50	24,00	17,50	66	39,90
	Dezembro	30,70	25,30	19,90	76	244,10
	Janeiro	31,00	25,60	20,20	80	421,70
	Fevereiro	31,90	26,00	20,20	77	145,50
	Março	28,20	23,80	19,40	83	222,20
	Abril	28,70	23,00	17,20	77	135,10
2011/12	Novembro	29,20	22,80	16,40	69	157,10
	Dezembro	30,50	24,50	18,40	73	176,10
	Janeiro	28,90	23,60	18,20	82	217,00
	Fevereiro	32,60	26,30	19,80	73	139,20
	Março	31,10	24,80	18,40	74	63,50
	Abril	29,50	23,50	17,60	77	160,00

Fonte: Setor de Física e Metereologia, Departamento de Ciências Exatas, ESALQ/USP.

4.2.3 Análises de variância do ano agrícola 2007/08

Nas análises de variâncias individuais, representadas na Tabela 10, para produtividade de grãos (PG) nos experimentos conduzidos no local Anhumas foram detectadas significâncias para populações (P) nos ambientes um (E1(ANHUMAS:FAS)) e dois (E2(ANHUMAS:DFC)), sugerindo variabilidade suficiente para a seleção. Também foram observadas diferenças estatísticas no ambiente dois (E2(ANHUMAS:DFC)) para a fonte de variação testemunhas (T) e para o contraste populações *vs* testemunhas (P*vs*T). No E1(ANHUMAS:FAS) não foram observadas diferenças significativas para T e nem para P*vs*T. A existência de variabilidade entre as populações, justifica o estudo da interação genótipos x ambientes.

Tabela 10 - Análises de variância individuais para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 24 populações ($F_{4:11}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja em dois ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e manejo DFC (controle das doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem), realizados no local Anhumas em 2007/08, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio	
		E1(FAS)	E2 (DFC)
Repetições	3	2143928**	957078
Genótipos	25	848879**	1453766**
Populações (P)	23	902146*	1024619**
Testemunhas (T)	1	292995	2400241*
P *vs* T	1	179640	10377685**
Resíduo	75	521794	479733
Média populações		3839,896	3043,818
Média testemunhas		3995,625	1858,438
Médias gerais		3851,904	2952,769
CV (%)		17,80	23,46

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente

Quanto à precisão experimental, os coeficientes de variação (CV) representados na Tabela 10, foram de 17,80% e 23,46% para os ambientes um (E1(ANHUMAS:FAS)) e dois (E2(ANHUMAS:DFC), respectivamente, indicando bom controle das causas de variação dos ambientes em ambos os experimentos, com destaque do manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças). Uma magnitude de 23% para coeficientes de variação é aceitável para a cultura da soja, pois, para

os CVs para a produtividade de grãos, geralmente, são obtidos valores acima de 20% (CAVALCANTE et al., 2014; MARQUES, 2014; ROCHA, 2002; SOUSA et al., 2010). Pimentel-Gomes (2009), em experimentos de campo, considera valores dos CVs como baixos (<10%), médios (de 10% a 20%) e altos (20% a 30%). Segundo a classificação proposta por Carvalho et al. (2003), propuseram um coeficiente de variação para a produtividade de grãos igual a 16% como um limite aceitável.

De acordo com a Tabela 11, a análise de variância conjunta para PG detectou significância estatística para os efeitos principais de populações (P) e ambientes (E), bem como da interação G x E. Não foi detectada significância estatística entre testemunhas (T). Portanto, as populações foram divergentes, os ambientes mostraram-se contrastantes e os comportamentos foram específicos para as combinações dos efeitos principais.

Tabela 11 - Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:11}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja avaliadas em dois ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo DFC (sem controle da ferrugem), realizados no local Anhumas em 2007/08, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições/ E	6	11550503**
Genótipos (G)	25	1379402**
Populações (P)	23	1234198*
Testemunhas (T)	1	2185223
P *vs* T	1	3913287*
Ambientes (E)	1	42039039**
G x E	25	923242**
P x E	23	692567
T x E	1	508013*
(P *vs* T) x E	1	6644037*
Resíduo	150	474794
Média populações		3429,825
Média testemunhas		2927,031
Média geral		3402,337
CV (%)		20,25

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

A decomposição da interação G x E, revelou efeitos significativos para T x E (P*vs*T)xE, ou seja, das interações testemunhas x ambientes (manejos com fungicidas) e do contraste (populações *vs* testemunhas) x manejos. Para a interação P x E não foi detectada diferença significativa, mostrando que as populações

apresentaram respostas semelhantes nos diferentes ambientes (manejos com fungicidas).

Na Tabela 11, verifica-se que o valor estimado para o coeficiente de variação foi de 20,25%, indicando boa precisão experimental. Pimentel-Gomes (2009), em experimentos de campo, considera valores dos CVs médios (de 10% a 20%).

4.2.4 Análises de variância do ano agrícola 2008/09

Os resultados das análises de variância (Tabela 12) mostrou significância para populações (P) e testemunhas (T) nos ambientes quatro (E4(ANHUMAS:DFC)), cinco (E5(ESALQ:FAS)) e seis (E6(ESALQ:DFC)), indicando que existiu variabilidade genética entre as populações e entre as testemunhas para PG. Somente no ambiente seis, E6(ESALQ:DFC), foi detectada significância para o contraste P*vs*T. Já no ambiente três ((E3(ANHUMAS:FAS)) não foram detectadas diferenças significativas em nenhuma das fontes de variação.

Tabela 12 – Análises de variância individuais para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações ($F_{4:12}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja em quatro ambientes: manejo FAS (E3 e E5, controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo DFC (E4 e E6, sem controle da ferrugem), realizados nos locais Anhumas e ESALQ em 2008/09, Piracicaba - SP

Fontes de variação	Anhumas			ESALQ		
		E3 (FAS)	E4 (DFC)	E5 (FAS)		E6 (DFC)
	GL	QM	QM	QM	GL	QM
Repetições	3	71729	203729	56608	3	21042
Genótipos (G)	25	220601	216781**	561752**	25	199697**
Populações (P)	23	238157	167561*	519750**	23	166401**
Testemunhas (T)	1	17113	1274406**	1824050**	1	510050**
P *vs* T	1	20297	291215	265504	1	659669**
Resíduo	75	170553	81997	123087	72	56449
Média populações		3623,177	3022,552	2330,990		1451,344
Média testemunhas		3550,781	2750,938	2075,000		1054,688
Média geral		3617,608	3001,659	2311,298		1419,926
CV (%)		15,22	12,63	19,91		21,53

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente. Análises estatísticas realizadas com dados transformados por y^{λ}, sendo λ=0,96.

Os coeficientes de variação (CV) oscilaram entre 12,63% para o ambiente quatro (E4(ANHUMAS:DFC)) e 21,53% para o ambiente seis (E6(ESALQ:DFC)), indicando boa precisão experimental nos quatro ambientes. Os CVs observados são

coerentes aos valores encontrados na literatura (CAVALCANTE et al., 2014; CUNHA et al., 2010; MARQUES, 2014; ROCHA, 2002; SOUSA et al., 2010).

Na análise de variância conjunta (Tabela 13), os efeitos entre genótipos (G), testemunhas (T) e ambientes (E) foram significativos, indicando variabilidade nas fontes de variação principais. Nesta tabela, destacou-se também a significância detectada para a interação populações x ambientes (P x E), evidenciando que os desempenhos relativos das populações variou entre os ambientes (locais e manejos com fungicidas).

Tabela 13 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:12}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo DFC (sem controle da ferrugem), realizados nos locais Anhumas e ESALQ em 2008/09, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições/ E	12	88277
Genótipos (G)	25	494617**
Populações (P)	23	741649
Testemunhas (T)	1	5077090 **
P *vs* T	1	1093897
Ambientes (E)	3	48662279**
G x E	75	234151**
P x E	69	238659**
T x E	3	287535
(P *vs* T) x E	3	77091
Resíduo	297	108542
Média populações		2626,552
Média testemunhas		2357,852
Média geral		2596,105
CV (%)		16,74

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente. Análises estatísticas realizada com dados transformados por y^{λ}, sendo λ=0,96

O coeficiente de variação foi igual a16,74% (Tabela 13) mostrando uma boa precisão experimental. Coeficientes de variação de 10% a 20% são considerados médios, de acordo com a classificação Pimentel-Gomes (2009), apresentando uma boa precisão experimental.

Na Tabela 14, para PG, a decomposição da fonte de variação ambientes em fungicidas e locais mostrou diferenças significativas para as fontes de variação principais, indicando haver diferenças significativas pelo menos entre duas populações, entre dois locais e entre os dois manejos com fungicidas. Destacaram-se também as interações entre duas fontes principais (PxF, PxL, FxL), evidenciando

comportamentos relativos diferenciados das populações nos dois manejos com fungicidas e ou nos dois locais, bem como dos locais nos dois manejos com fungicidas. Também foi significativa a interação tripla TxFxL, indicando que as testemunhas também apresentaram comportamentos relativos variáveis nos dois manejos de fungicidas e ou nos dois locais. A significância entre locais e da interação PxL evidenciou que locais representaram uma variável ambiental importante para avaliação das populações, concordando com o que tem sido preconizado no melhoramento da soja para PG (TOLEDO et al., 2000).

Tabela 14 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:12}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo=DFC) e manejo DFC, realizados nos locais Anhumas e ESALQ em 2008/09, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições/Locais/Fungicidas	12	88277
Genótipos (G)	25	494617**
Populações (P)	23	373962**
Testemunhas (T)	1	2763013**
P *vs* T	1	1928455*
Fungicidas (F)	1	31292758**
Locais (L)	1	1149879056**
G x F	25	269604**
P x F	23	286305**
T x F	1	32704
(P *vs* T) x F	1	122370
G x L	25	280881**
P x L	23	293686**
T x L	1	162023
(P *vs* T) x L	1	105226
F x L	1	1162509**
G x F x L	25	149311
P x F x L	23	133146
T x F x L	1	667879*
(P *vs* T) x F x L	1	2529
Resíduo	297	108542
Média populações		2626,552
Média testemunhas		2357,852
Média geral		2596,105
CV (%)		16,74

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente. Análises estatísticas realizada com dados transformados por y^{λ}, sendo λ=0,96

Uma outra evidência importante na Tabela 14 foi a ocorrência da ferrugem asiática em 2008/09 afetando a PG das populações, baseada na diferença significativa entre manejos com fungicidas, além dos desempenhos relativos

diferenciados das populações com os manejos de fungicidas anteriormente reportados e, também, das diferenças entre as médias (Tabela 15) das populações nos dois manejos de fungicida.

O valor do CV foi igual a16,74%, indicando uma precisão experimental muito boa.

A Tabela 15 evidenciou efeitos significativos (teste de Scott e Knott) dos ambientes (locais e manejos com fungicidas) nos comportamentos das populações e ou testemunhas em 2008/09. Para as médias de PG, o local Anhumas foi superior ao local ESALQ, bem como o manejo com controle da ferrugem (FAS) foi superior ao manejo sem controle da ferrugem (DFC). Marques (2014) ao analisar o desempenho de linhagens experimentais de soja, e Casas-Leal (2015) ao avaliar adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e a representatividade de ambientes, também mencionaram melhores níveis de produtividade de grãos no local Anhumas e valores médios maiores que os obtidos nessa pesquisa. Maia et al. (2006) utilizaram o modelo AMMI para analisar a produtividade de grãos de linhagens experimentais de soja e também verificaram que o local Anhumas (antes denominado Anhembi) destacou-se como de alta produtividade.

Tabela15 - Médias para produtividade de grãos de 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja em dois locais e dois tipos de fungicidas em 2008/09, Piracicaba - SP

Locais/Fungicidas	Opera e Nativo	Derosal	Média
1-Anhumas	3618 A	3002 A	3310
2-ESALQ	2311 B	1420 B	1866
Média	2964	2211	2588

Médias com mesma letra maiúscula na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Na Tabela 15, observa-se que para cada local, Anhumas e ESALQ, que as médias dos genótipos foram significativamente maiores nos experimentos com aplicações dos fungicidas O&N (manejo FAS com controle da ferrugem) que nos experimentos com aplicações do fungicida D (sem controle da ferrugem), evidenciando que o controle da ferrugem (manejo FAS) foi eficiente, possibilitando melhor potencial produtivo na ausência da ferrugem. Realmente, aplicações de triazol e mistura de triazol com estrobilurina têm apresentado controle mais eficiente

da ferrugem, favorecendo a redução da doença e diminuindo as perdas na produção (MILES et al., 2007; REIS, 2005).

Outros autores, por exemplo, Araújo e Vello (2010), também constataram a eficiência desta estratégia de se estimar o efeito ferrugem pela comparação de médias genotípicas obtidas em experimentos com diferentes manejos de doenças com fungicidas.

4.2.5 Análises de variância do ano agrícola 2009/10

Observa-se na Tabela 16, que em 2009/10 não foram detectadas significâncias nas análises de variâncias individuais para genótipos (G) e populações (P) nos ambientes sete (E7(ESALQ:FAS)) e oito (E8(ESALQ:DFC)), indicando que as populações apresentaram comportamentos semelhantes nesses ambientes. Também não foram observadas significâncias para o contraste populações *vs* testemunha (P*vs*T) nos dois ambientes. Estes resultados são contrastantes com aqueles obtidos em 2008/09, em que a maioria das fontes de variação de maior importância foram significativas (Tabela 14).

Os coeficientes de variação (CV) oscilaram entre 14,54% para o ambiente sete (E7(ESALQ:FAS)), e 21,33% para o ambiente oito (E8(ESALQ:DFC)), mostrando boa precisão experimental na condução desses experimentos. Valores para os CVs acima de 20% foram obtidos por Cavalcante et al. (2014), Cunha et al. (2010), Marques (2014), Rocha (2002) e Sousa et al. (2010).

Tabela 16 - Análises de variância individuais para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações ($F_{4:13}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em dois ambientes: manejo FAS (E7,controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e manejo de DFC (E8, controle das doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem), realizados no local ESALQ em 2009/10, Piracicaba - SP

Fontes de variação	ESALQ			
	E7 (FAS)		E8 (DFC)	
	GL	QM	GL	QM
Repetições	1	541212	3	1745927**
Genótipos	25	246206	25	167109
Populações (P)	23	265012	23	158207
Testemunhas (T)	1	1225	1	109278
P *vs* T	1	58658	1	467602
Resíduo	25	177671	60	119284
Média populações		2908,542		1541,964
Média testemunhas		2782,500		1856,796
Média geral		2898,846		1619,515
CV (%)		14,54		21,33

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

A Tabela 17 apresenta a análise de variância conjunta para PG em dois ambientes (manejos com fungicidas FAS e DFC) no local ESALQ em 2009/10; nesta análise, foram detectadas diferenças significativas apenas para os efeitos entre ambientes e da interação populações x ambientes. Portanto, só houve evidências de efeito ferrugem e de comportamentos relativos diferenciados das populações nos dois manejos com fungicidas; resultados semelhantes foram obtidos por (FARIA, 2012).

O coeficiente de variação foi igual a 17,66% (Tabela 17), indicando boa precisão experimental. O CV obtido é considerado baixo, em relação aos encontrados na literatura para condições ambientais semelhantes.

Nesse ano agrícola foram realizados dois experimentos em apenas um local (ESALQ), o que impossibilitou a decomposição da fonte de variação.

Tabela 17 - Análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:13}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em dois ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (sem controle da ferrugem), realizados no local ESALQ em 2009/10, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições / E	4	1444748**
Genótipos (G)	25	216967
Populações (P)	23	632550
Testemunhas (T)	1	57728
P *vs* T	1	12438
Ambientes (E)	1	51033885**
G x E	25	224758*
P x E	23	230669*
T x E	1	481051
(P *vs* T) x E	1	26401
Resíduo	85	136457
Média populações		2084,435
Média testemunhas		2165,357
Média geral		2091,325
C.V (%)		17,66

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

4.2.6 Análises de variância do ano agrícola 2010/11

Para a PG, na Tabela 18, são apresentadas as análises de variância individuais, na qual foi detectado efeito significativo apenas entre populações em dois ambientes (manejos com fungicidas em Areão). Portanto, a variabilidade genética entre progênies somente foi constatada no local Areão.

Quanto ao coeficiente de variação (CV), os valores variaram entre 14,71% (E9(ESALQ:FAS)) e 20,88% (E10(ESALQ:DFC)). Tais resultados indicaram precisão experimental satisfatória nos quatro ambientes, quando comparados com os CV encontrados na literatura para PG em soja em experimentos conduzidos em condições ambientais semelhantes.

Tabela 18 - Análises de variância individuais para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações ($F_{4:14}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em quatro ambientes: manejo FAS (E9 e E11, controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e manejo de DFC (E10 e E12, controle das doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2010/11, Piracicaba - SP

Fontes de variação	ESALQ				Areão			
	E9 (FAS)		E10 (DFC)		E11 (FAS)		E12(DFC)	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Repetições	2	5089523**	3	801126	3	2015927**	3	341344
Genótipos	25	426428	25	261216	25	708534**	25	983354**
Populações (P)	23	422246	23	207033	23	749936**	23	1026401**
Testemunhas (T)	1	176817	1	781250	1	27028	1	14028
P *vs* T	1	772226	1	1019097	1	437813	1	962593
Resíduo	50	253902	71	302275	75	187182	75	282413
Média populações		3396,597		2603,370		2432,135		2792,083
Média testemunhas		3770,000		2974,167		2677,625		3153,125
Média geral		3425,321		2633,033		2450,865		2819,856
CV (%)		14,71		20,88		17,65		18,85

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

Na análise de variância conjunta para PG (Tabela 19), as principais fontes de variação significativas foram entre: populações, ambientes (dois manejos com fungicidas) e as interações populações x ambientes e testemunhas x ambientes. Portanto, em 2010/11, houve variabilidade genética entre populações, os manejos com fungicidas foram significativos e os efeitos das populações e testemunhas mostraram comportamentos relativos diferenciados nos dois manejos com fungicidas.

O coeficiente de variação experimental da PG foi de 18,11%, indicando uma boa precisão experimental (Tabela 19), em relação aos CV encontrados na literatura em experimentos conduzidos em condições ambientais semelhantes.

Tabela 19 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:14}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (sem controle da ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2010/11, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições/ E	11	1786748**
Genótipos (G)	25	879174**
Populações (P)	23	861741**
Testemunhas (T)	1	446520
P *vs* T	1	3048746**
Ambientes (E)	3	15346928**
G x E	75	481668**
P x E	69	514351**
T x E	3	184201**
(P *vs* T) x E	3	27436
Resíduo	271	256001
Média populações		2768,511
Média testemunhas		3101,444
Média geral		2794,387
CV (%)		18,11

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

A análise conjunta para o ano agrícola 2010/11 (Tabela 20), detectou diferenças significativas para as seguintes fontes de variação consideradas como as mais relevantes: populações, fungicidas, locais, interação populações x locais e interação fungicidas x locais. Nesta pesquisa, efeitos significativos entre populações, foram importantes devido evidenciarem a existência de variabilidade genética entre as populações; a interação populações x locais indicou que os comportamentos relativos das populações foram diferenciados entre os locais; efeitos significativos entre manejos de fungicidas também foram importantes devido evidenciarem a ocorrência de ferrugem. Já o efeito entre locais tem sido um dos mais importantes para a PG em soja (TOLEDO et al., 2000).

O valor do CV foi igual a 18,11% indicando que houve boa precisão experimental.

Tabela 20 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:14}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (sem controle da ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2010/11, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições /Locais/Fungicidas	11	1786780**
Genótipos (G)	25	879189**
Populações (P)	23	799280**
Testemunhas (T)	1	462308
P *vs* T	1	3049150**
Fungicidas (F)	1	3942856**
Locais (L)	1	13954170**
G x F	25	280180
P x F	23	303343
T x F	1	3078
(P *vs* T) x F	1	24537
G x L	25	897825**
P x L	23	957088**
T x L	1	404208
(P *vs* T) x L	1	28397
F x L	1	32106916**
G x F x L	25	254873
P x F x L	23	271259
T x F x L	1	107078
(P *vs* T) x F x L	1	25792
Resíduo	271	255999
Média populações		2768,511
Média testemunhas		3101,444
Média geral		2794,387
CV (%)		18,11

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

No teste de médias de PG (Tabela 21), para os diferentes locais e manejos com fungicidas, foi observado que no local ESALQ o experimento com aplicações sucessivas dos fungicidas Opera e Nativo (3425 kg ha^{-1}) apresentou maior média que o experimento com aplicações do fungicida Derosal (2633 kg ha^{-1}). Já para o local Areão não foi obtido resultado semelhante, pois o experimento com aplicações do fungicida Derosal apresentou maior média em relação ao experimento com aplicação dos fungicidas Opera e Nativo.

Verificando os locais dentro de cada manejo com fungicidas, o local ESALQ foi melhor somente quando se considerou o experimento com aplicações dos fungicidas Opera e Nativo. No local Areão foi observado resultado contrário. Com base nas médias de PG, o melhor local foi ESALQ e o melhor manejo foi com os fungicidas Opera e Nativo (Tabela 21).

Tabela 21 - Médias para a produtividade de grãos de 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja em dois locais e dois tipos de fungicidas em 2010/11, Piracicaba - SP

Locais/Fungicidas	Opera e Nativo	Derosal	Média
2–ESALQ	3425 A	2633 B	3029
3–Areão	2451B	2820 A	2635
Média	2938	2726	2832

Médias com mesma letra maiúscula na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

4.2.7 Análises de variância do ano agrícola 2011/12

A Tabela 22, mostra que nas análises de variância individuais para PG foram detectadas diferenças significativas para as fontes de variação genótipos e populações somente nos ambientes treze (E13(ESALQ:FAS) e quatorze (E14(ESALQ:DFC). Em nenhum dos ambientes foi observada significância estatística para testemunhas. Somente no ambiente treze (E13(ESALQ:FAS)) foi verificada diferença estatística para o contraste populações *vs* testemunhas (P*vs*T).

Tabela22 - Análises de variância individuais para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações ($F_{4:15}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em quatro ambientes: manejo FAS (E13 e E15, controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (E14 e E16, sem controle da ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2011/12, Piracicaba - SP

Fontes de variação	ESALQ			Areão		
		E13 (FAS)	E14 (DFC)	E15 (FAS)	E16 (DFC)	
	GL	QM	QM	QM	GL	QM
Repetições	2	118032	179993	496803*	2	52798
Genótipos	25	432224**	206343*	191217	25	310893
Populações (P)	23	417721**	223580*	127947	23	317230
Testemunhas (T)	1	175959	6016	436051	1	318551
P *vs* T	1	1022077*	10234	1401590	1	158636
Resíduo	50	147350	109748	119964	49	243369
Média população		3566,667	3100,486	2674,861		3243,239
Média testemunhas		3996,250	3057,500	3177,917		3073,750
Média geral		3599,712	3097,179	2713,558		3230,032
CV (%)		10,66	10,70	12,76		15,27

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

Observa-se na Tabela 22 que houve uma baixa magnitude dos coeficientes de variação (CV), oscilando entre 10,66% a 15,27%, com isso, pode-se inferir que os experimentos foram bem conduzidos.

A análise de variância conjunta, apresentada na Tabela 23, para o ano agrícola 2011/12 detectou diferenças significativas para genótipos (G) e populações (P),

indicando que pelo menos uma das médias das populações difere das demais, viabilizando a prática de seleção. Para a fonte de variação ambientes (E) também foi detectada diferença significativa. Não foi verificada significância para a fonte de variação interação genótipos x ambientes (G x E) para a PG, sugerindo que as médias das populações oscilaram de maneira semelhante nos quatro ambientes.

Para o coeficiente de variação foi observado valor igual a 12,45%, evidenciando uma boa condução experimental.

Tabela 23 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:15}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (sem controle da ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2011/12, Piracicaba – SP

Fontes de variação	GL	Quadrado Médio
Repetições / E	8	211907
Genótipos (G)	25	630529**
Populações (P)	23	621743**
Testemunhas (T)	1	741138
P *vs* T	1	719037
Ambientes (E)	3	10436954**
G x E	75	170066
P x E	69	154867
T x E	3	65147
(P *vs* T) x E	3	624566*
Resíduo	199	154664
Média populações		3145,976
Média testemunhas		3326,354
Média geral		3159,895
CV (%)		12,45

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

Segundo a Tabela 24, na qual encontra-se a decomposição do efeito ambientes em locais e fungicidas para PG, foram observados efeitos significativos para genótipos (G), populações (P) e testemunhas(T). Indicando que pelo menos uma população difere das demais. Os efeitos fungicidas e locais foram significativos, evidenciando que populações tiveram desempenho diferenciado conforme o tipo de fungicida e o local de plantio. A interação G x F e o contraste (P*vs*T) x F foram significativos, mostrando que a ferrugem influenciou o comportamento dos genótipos. Observou-se que a interação F x L foi significativa, o que explica a diferença na distribuição da doença entre os diferentes locais. Dessa forma, as fontes de variação locais e fungicidas devem ser consideradas na seleção. Não

foram observadas diferença significativa para P x F, T x F, G x L, P x L, T x L, (P*vs*T) x L.

Tabela 24 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), envolvendo 24 populações ($F_{4:14}$) e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em quatro ambientes: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo = DFC) e manejo de DFC (sem controle da ferrugem), realizados nos locais ESALQ e Areão em 2011/12, Piracicaba - SP

Fontes de variação	GL	Quadrado médio
Repetições /Locais/Fungicidas	8	211906
Genótipos (G)	25	630528**
Populações (P)	23	621831**
Testemunhas (T)	1	741137*
P *vs* T	1	719036
Fungicidas (F)	1	3810
Locais (L)	1	11008392**
G x F	25	254312*
P x F	23	195446
T x F	1	47927
(P *vs* T) x F	1	1814596*
G x L	25	154385
P x L	23	161888
T x L	1	132387
(P *vs* T) x L	1	3802
F x L	1	20150370**
G x F x L	25	101413
P x F x L	23	107155
T x F x L	1	15125
(P *vs* T) x F x L	1	55623
Resíduo	199	154664
Média populações		3145,976
Média testemunhas		3326,354
Média geral		3159,895
CV (%)		12,45

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

Ainda de acordo com a Tabela 24, não foram observadas significância para as interações tripla envolvendo G x F x L, P x F x L e (P*vs*T) x F x L, indicando que os fungicidas e locais atuaram de forma isolada sobre o desempenho produtivo das populações. Já para interação T x F x L foram observadas diferenças significativas.

O valor do CV foi igual a 12,45% indicando que houve boa precisão experimental.

Analisando o teste de médias, apresentado na Tabela 25, realizado para PG para os diferentes locais e diferentes tipos de fungicidas, observa-se no local ESALQ, que o experimento com aplicações do fungicida Opera e Nativo (3600 kg

ha^{-1}) apresentou maior média que o experimento com aplicação do fungicida Derosal (3097 kg ha^{-1}). Não foi observado o mesmo resultado no local Areão, para o qual a maior média foi obtida no experimento com aplicação do fungicida Derosal. Resultados semelhantes foram observados para o ano agrícola 2010/11. No entanto, foram diferentes dos obtidos para o ano agrícola 2008/09, nos quais o local ESALQ e o fungicida Opera e Nativo mostraram-se mais favoráveis para a PG.

Tabela 25 - Médias para a produtividade de grãos de 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Conquista) de soja em dois locais e dois tipos de fungicidas no ano agrícola 2011/12, Piracicaba - SP

Locais/Fungicidas	Opera e Nativo	Derosal	Média
2- ESALQ	3600 A	3097 A	3348
3- Areão	2714 B	3230 A	2972
Média	3157	3164	3160

Médias com mesma letra maiúscula na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

4.2.8 Análises conjunta para os cinco anos agrícolas

A razão entre o maior (521794) e menor (101228) valor para os quadrados médios do erro entre os ambientes avaliados foi igual a 5,16 para a produtividade de grãos, inferior ao limite aceitável (< 7) para avaliação conjunta de ambientes. Uma razão menor que sete indica que existe homogeneidade das variâncias residuais obtidas nas análises, possibilitando a realização da análise conjunta sem necessidade de ajustes de graus de liberdade (PIMENTEL-GOMES, 2009).

De acordo com a Tabela 26, a análise de variância conjunta para verificar o efeito de anos (de 2007/08 a 2011/12), mostrou diferença significativa entre anos para a PG, evidenciando que os genótipos apresentaram comportamentos diferenciados em pelo menos um dos cinco anos agrícolas.

Tabela 26 - Análise de variância conjunta, decomposta em fungicidas, locais, para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em dezesseis ambientes, combinando dois tipos fungicidas, três locais (Anhumas, ESALQ e Areão) e cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	G.L	Quadrado médio
Repetições/Anos/Locais/Fungicidas	41	956107**
Genótipos (G)	25	1291739**
Populações (P)	23	1310756**
Testemunhas (T)	1	135405
P *vs* T	1	2010683**
Anos (A)	4	59744833**
Locais (L)	2	113756534**
Fungicidas (F)	1	68033058**
G x A	98	414951**
P x A	92	416912**
T x A	2	663143
(P *vs* T) X A	4	245764
G x L	49	564668**
P x L	46	590311**
T x L	1	484641
(P *vs* T) x L	2	14883
G x F	25	410758*
P x F	23	413332*
T x F	1	1009
(P *vs* T) x F	1	761324
A x F	4	3137053**
L x F	2	26783866**
G x A x F	98	359888**
P x A x F	92	342404*
T x A x F	2	77575
(P*vs*T) x A x F	4	903163**

Tabela 26 - Análise de variância conjunta, decomposta em fungicidas, locais, para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja avaliadas em dezesseis ambientes, combinando dois tipos fungicidas, três locais (Anhumas, ESALQ e Areão) e cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), Piracicaba - SP (conclusão)

Fontes de variação	G.L	Quadrado médio
G x L x F	49	221528
P x L x F	46	222475
T x L x F	1	96327
(P*vs*T) x L x F	2	262351
Resíduo	992	256237
Média populações		2838,198
Média Testemunhas		2992,582
Média		2862,562
CV (%)		17,78

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente.

Também foi detectado efeito significativo para genótipo (G) e populações (P), constatando a presença de variabilidade genética para PG entre as populações e que há possibilidade da prática de seleção. O contraste entre populações e testemunhas (P*vs*T), também foi significativo. Os efeitos anos (A), locais (L) e fungicidas (F) foram significativos, sugerindo que os genótipos tiveram desempenhos diferenciados em relação ao ano, ao local e que a ausência ou a presença da ferrugem alterou o comportamento dos genótipos. Esta última constatação também indicou a eficácia da metodologia de manejos distintos de fungicidas para distinguir os genótipos na análise conjunta dos ambientes.

Observando a Tabela 26, verifica-se que as interações genótipos x anos (G x A), populações x anos (P x A), genótipos x locais (G x L), populações x locais (P x L) foram significativas para PG, demonstrando a existência de diferenças entre as populações quanto à resposta às variações do ambiente (G x L) e, que as populações apresentaram comportamentos diferenciados em relação aos anos agrícolas. As interações genótipos x fungicidas (G x F), populações x fungicidas (P x F) foram significativas, sugerindo que as populações apresentaram comportamentos diferenciados nos diferentes fungicidas e, que a ferrugem afetou de maneira diferenciada todos os genótipos. Foi observada diferença significativa para a interação A x F, evidenciando que os experimentos com aplicações de diferentes tipos de fungicidas sofreram influência de anos. Também foi observada que a interação L x F foi significativa, indicando que as populações responderam de forma

diferenciada à aplicação do fungicida nos diferentes locais de avaliação. A significância da interação L x A, apesar de dificultar a seleção de genótipos, proporcionam melhores informações sobre a estabilidade agronômica (ROCHA et al., 2009).

Também na Tabela 26, foram detectadas interações significativas envolvendo genótipos x anos x fungicidas (G x A x F), populações x anos x fungicidas (P x A x F). Estes resultados demonstraram que as populações avaliadas apresentaram diferentes respostas quando analisadas nos diferentes ambientes resultantes da combinação entre anos, e fungicidas. Não foi observada diferença significativa para as interações triplas.

As interações simples (L e F) e duplas (G x F, G x L) significativas, apresentadas na Tabela 26, mostraram que as fontes de variação fungicidas e locais foram as que mais contribuíram para a variação da PG. Diante desses resultados, nota-se que o efeito entre fungicidas interagiu de forma significativa com os demais efeitos principais, evidenciado que a disseminação da ferrugem entre as populações, locais e anos agrícolas ocorreu de forma diferenciada. Com isso, pode-se inferir que os ambientes, considerados individualmente, foram estatisticamente diferentes, interferindo na ocorrência da doença e nos comportamentos dos genótipos.

As interações tripla anos x locais x genótipos (G x A x L) e a interação quádrupla (G x A x L x F), assim como suas decomposições não foram estimadas, devido ao fato de não terem sido realizados experimentos em todos os locais em todos os anos agrícolas.

Na análise conjunta da Tabela 26, o valor relativamente baixo do coeficiente de variação (17,78%) indicou uma boa precisão experimental, confirmando as constatações realizadas nas análises individuais.

A significância da interação genótipos x ambientes mostrou que os genótipos não tiveram o mesmo comportamento nos ambientes em estudo, indicando ser necessário selecionar genótipos mais estáveis e adaptados, justificando a necessidade de se identificarem genótipos com adaptações específicas. Embora a interação genótipos x ambientes comumente forneça informações sobre a complexidade na seleção e ou recomendação de cultivares (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). No entanto, para obter informações precisas sobre as respostas previsíveis de cada genótipo em diferentes condições ambientais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012) é imprescindível realizar o estudo de adaptabilidade e

de estabilidade dos genótipos, levando-se em consideração os diferentes tipos de aplicações de fungicidas, os locais e os anos agrícolas.

4.3 Adaptabilidade e estabilidade

4.3.1 Método de Eberhart e Russel

Na análise de variância com a decomposição da soma de quadrados de ambientes dentro de genótipos, apresentada na Tabela 27, foi observada variabilidade significativa pelo teste F para as fontes de variação relacionadas a genótipos (G), ambientes (E), e interação G x E para a produtividade de grãos (PG), evidenciando que os genótipos apresentaram variabilidade genética e diferentes respostas diante da variação dos ambientes, tornando-se importante identificar populações com alta estabilidade.

Tabela 27 - Análise de variância conjunta para produtividade de grãos das 24 populações e duas testemunhas de soja, comuns aos 16 ambientes, incluindo-se cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), pelo método de Eberhart e Russel (1966), Piracicaba - SP

Fontes de variação	Grau de liberdade	Quadrado médio
Ambientes (E)	15	39818676**
Genótipos(G)	25	1237054**
GxE	375	406208**
E/G	390	1922072**
E linear	1	597280133**
G x E linear	25	396288**
Desvio combinado	364	391266**
Resíduo	992	74726

* e **: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; a: %SQtratamentos/SQ_P, SQ_E e SQ_{PXA}; % $SQ_{PXA}/SQ_{PxElinear}$. O número de repetições foi igual a 3,84 (média harmônica, em razão do desbalanceamento). Quadrado médio do resíduo foi divido pela média harmônica.

Na Tabela 27, observa-se que o efeito de ambientes dentro de genótipos (E/G) e os efeitos relativos à sua decomposição (E linear, G x E linear e desvio combinado) foram significativos para PG. A significância dos efeitos E linear e dos desvios combinados da regressão significativo indicaram que as modificações ambientais foram relevantes nas alterações das médias da PG, consequentemente, as populações apresentaram diferentes repostas nos diferentes ambientes (DIAS et

al. 2009; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Já a significância da interação G x E linear indicou diferença estatística entre os coeficientes de regressão linear individuais das populações e que a maior parte da interação G x E foi explicada pela regressão linear entre as populações e os diferentes ambientes, possibilitando a identificação de genótipos com maior adaptabilidade.

A Tabela 28, mostra que 18 das 24 populações e as duas testemunhas apresentaram coeficientes de determinação (R^2) acima de 80%, mostrando precisão relativamente alta da regressão em explicar o comportamento das populações. Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), o coeficiente de determinação pode ser utilizado para medir a estabilidade dos genótipos. Cavalcante et al. (2014), Dias et al. (2009), Gonçalves et al. (2007) e Marques et al. (2011), também observaram R^2 acima de 80% para genótipos de soja avaliados quanto à adaptabilidade e estabilidade fenotípica para a produtividade de grãos.

Os resultados (Tabela 28), mostraram que 21 populações apresentaram adaptabilidade específica, cujos coeficientes de regressão não foram significativos (β=1). De acordo com a metodologia de Eberhart e Russel (1966), o genótipo também deve apresentar produtividade superior à média geral, resposta previsível e positiva à melhoria do ambiente.

Na Tabela 28, observa-se que 13 populações apresentaram coeficientes de regressão iguais à unidade e desvios da regressão iguais a zero (não significativos), sendo, portanto, consideradas como responsáveis às mudanças ambientais e estáveis. Dentre estas, as populações USP 10-10 (P2), USP 02-16.051 (P9), USP 02-16.045 (P10), USP 04-17.039 (P11), USP 05-17 (P12), USP 10-24 (P15), USP 11-12 (P22), USP 02-16.182 (P23) e USP 02-16.179 (P24), juntamente com a testemunha BRS 133 (T25), destacaram-se por apresentarem produtividades acima da média geral (2849 kg ha^{-1}), indicando que estas populações mostraram ampla adaptabilidade às condições ambientais.

As populações USP 04-18.111 (P4) e USP 02-16.120 (P8) apresentaram média alta e coeficiente de regressão não significativo (β=1). Entretanto, apresentaram desvios da regressão significativos, ou seja, baixa estabilidade frente às variações ambientais.

Tabela 28 - Médias, coeficientes de regressão (β_{li}), desvio da regressão (σ^2_{di}) e coeficientes de determinação (R^2) segundo a metodologia de Eberhart e Russel (1966) para produtividade de grãos (kg ha^{-1}), de 24 populações e duas testemunhas de soja, comuns aos 16 ambientes, envolvendo os locais Anhumas, ESALQ e Areão, dois tipos de manejos com fungicidas e cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12), Piracicaba - SP

Símbolo	Populações	Médias	(β_{li})	(σ^2_{di})	R^2(%)
P1	USP 04-18.092	2742	0,957 n.s	59533,617*	76,531
P2	USP 10-10	2864	1,082 n.s	-25566,237n.s	91,925
P3	USP 04-17.027	2708	0,935 n.s	118524,649**	68,392
P4	USP 04-18.111	2935	1,163 n.s	86642,154*	80,048
P5	USP 02-16.063	2595	0,919 n.s	-28615,693n.s	89,769
P6	USP 04-18.063	2676	0,887 n.s	184209,636**	59,221
P7	USP 04-18.069	2684	0,787**	17618,934n.s	76,839
P8	USP 02-16.120	3028	0,972 n.s	63187,978*	76,621
P9	USP 02-16.051	2918	1,030 n.s	4872,586n.s	86,452
P10	USP 02-16.045	2904	0,862n.s	-18730,974n.s	86,379
P11	USP 04-17.039	2946	0,882n.s	-29009,138n.s	89,069
P12	USP 05-17	2859	0,955 n.s	22139,533n.s	81,823
P13	USP 02-16.122	2832	0,936 n.s	240642,709**	57,042
P14	USP 97-08.057	2648	1,129n.s	92093,044**	78,523
P15	USP 10-24	2928	1,118n.s	16898,694n.s	86,724
P16	USP 02-16.074	2616	0,850 n.s	72783,154*	70,107
P17	USP 04-17.011	3216	1,232 **	27686,137n.s	87,634
P18	USP 04-18.091	2609	0,903 n.s	31322,391n.s	78,614
P19	USP 02-16.140	2896	1,323 *	17910,490n.s	90,039
P20	USP 08-04	2814	1,047 n.s	1684,091n.s	87,279
P21	USP 98-13.009	2841	0,897 n.s	35135,533n.s	77,794
P22	USP 11-12	2954	0,949 n.s	4267,612n.s	84,496
P23	USP 02-16.182	2902	1,176n.s	24981,636n.s	86,901
P24	USP 02-16.179	2996	1,104n.s	-28318,725n.s	92,624
T1	BRS 133	2968	1,003 n.s	37035,068n.s	81,149
T2	Monsoy 8001	3011	0,907 n.s	-2089,837n.s	84,412

+ e ++: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; * e **: significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente pelo teste F; n.s: não significativo pelo teste t ou F.

Ainda na Tabela 28, as populações USP 04-17.011 (P17) e USP 02-16.140 (P19) apresentaram coeficientes de regressão significativamente maiores que 1 (β>1) e, médias maiores que as médias gerais, sendo classificadas como de

adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. Tais populações poderiam apresentar reduções nas médias de PG se cultivadas em ambientes desfavoráveis, ou seja, em ambientes com pouca utilização de técnicas mais modernas ou quando submetidas às variações climáticas restritivas. Estas populações também apresentaram alta estabilidade, pois, os desvios da regressão não foram significativos; no entanto, ambas a populações apresentaram coeficientes de determinação superiores a 80%, o que fornece melhores explicações sobre a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos (EBERHART; RUSSEL, 1966), uma vez que quando os desvios da regressão forem significativos, os coeficientes de determinação poderão ser considerados como medidas complementares na avaliação da estabilidade dos genótipos, auxiliando de forma satisfatória a explicação da regressão sobre a resposta do genótipo em função do ambiente, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012).

A população USP 04-18.069 (P7) apresentou coeficiente de regressão não significativo e menor que um ($\beta<1$), sendo, portanto classificada como de adaptação específica a ambientes desfavoráveis, podendo manter sua produtividade em condições adversas mesmo em ambientes com pouco uso de tecnologia.

Em relação à estabilidade de comportamento, baseada nos desvios da regressão (Tabela 28), observa-se que 17 populações apresentaram desvios da regressão não significativos. No entanto, somente 11 populações e as duas testemunhas (P2, P9, P10, P11, P12, P15, P17, P19, P22, P23, P24, T1 e T2) apresentaram produtividades maiores que a média geral, podendo ser consideradas como estáveis e com ampla adaptação.

Pode-se destacar, também, que entre as populações que apresentaram desvios da regressão significativos, a USP 04-18.111 (P4) apresentou estabilidade tolerável, dado que seu coeficiente de determinação, também foi superior a 80%. O uso do coeficiente de determinação foi utilizado por Cavalcante et al. (2014), Dias et al. (2009), Gonçalves et al. (2007), entre outros, com objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio da metodologia de Eberhart e Russel (1966). Também por Cavassim et al. (2013), para definir a estabilidade de genótipos para número de dias para florescimento e para a maturidade e tempo de período reprodutivo e classificá-los dentro do grupo de maturação.

Estimativas negativas para o desvio da regressão (σ_{di}^2) foram observadas para as populações USP 10-10 (P2), USP 02-16.063 (P5), USP 02-16.045 (P10), USP 04-17.039 (P11) e USP 02-16.179 (24) e para a testemunha Monsoy 8001 (T26). Isso pode ter ocorrido pelo fato do parâmetro (σ_{di}^2) ser estimado pela diferença entre os quadrados médios (QM desvios – QM do resíduo). Vários autores ao utilizarem essa metodologia obtiveram valores negativos para o desvio da regressão, tais como Barros et al. (2009), Peluzio et al. (2010), Marques et al. (2011) em pesquisas com soja.

Diversos trabalhos relataram a utilização da metodologia proposta por Eberhart e Russel (1966) para a avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos de soja, dentre eles: Barros et al. (2009), Cavalcante et al. (2014), Dias et al. (2009), Gonçalves et al. (2007), Marques et al. (2011), Peluzio et al. (2010), entre outros. Em todos esses trabalhos a metodologia de Eberhart e Russel permitiu identificar genótipos adaptados a ambientes específicos e com alta estabilidade.

4.3.2 MétodoAMMI

A Tabela 29, mostra que a SQ_{GxE} foi decomposta em até 15 componentes principais (CP), já que o posto da matriz de interações G x E, em que *p* é o mínimo entre g-1 e e-1, posto= *p* = min(g-1, e-1) = min(26-1, 16-1) = 15. Com a porcentagem de explicação da variação para o componente 16 (CP16) sendo nula e, por isso desnecessário. Na análise AMMI, os primeiros componentes principais/eixo devem acumular maior porcentagem do desempenho real “padrão” adjacente à interação G x E e de importância agronômica, conforme Gauch Júnior e Zobel (1996). Ainda, segundo estes autores, quanto maior o número de eixos selecionados, maior a porcentagem do “ruído”, reduzindo a eficácia da análise AMMI e, consequentemente, menor precisão da análise.

Pela metodologia AMMI apresentada na Tabela 29, observa-se também que a contribuição de cada componente principal para explicar a soma de quadrados da interação foi baixa. Nota-se que o primeiro CP da interação capturou 29,50%, o segundo 18,80% e o terceiro 13,00%, tendo uma proporção padrão total de 61,20% da SQ_{GxE}. A proporção ruído (variação não controlada) correspondeu ao restante da SQ_{GxE}, valor igual a 38,80%, podendo ser explicada pela alta variabilidade ambiental.

Tabela 29 - Proporção da SQ_{GxE} da interação explicada por eixo relativo à análise componentes principais (CP) para 24 populações e duas testemunhas de soja comuns aos 16 ambientes, envolvendo os locais Anhumas, ESALQ e Areão, dois tipos de manejos com fungicidas e cinco anos agrícolas (2007/08, 2009/10, 2010/11 e 2011/12),Piracicaba - SP

CP/Eixo	Explicação (%)	Explicação acumulada (%)
CP1**	29,50	29,50
CP2**	18,80	48,20
CP3**	13,00	61,20
CP4**	7,60	68,80
CP5**	6,70	75,50
CP6**	5,90	81,30
CP7**	4,00	85,40
CP8**	3,90	89,30
CP9**	3,50	92,80
CP10**	2,30	95,10
CP11**	1,80	96,90
CP12**	1,50	98,40
CP13**	1,00	99,30
CP14**	0,40	99,70
CP15	0,30	100,00

** Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade.

Alguns autores relataram que uma porcentagem inferior a 70% para os dois primeiros componentes principais reduziu a eficiência da análise para explicar a interação G x E (VICENTE; PINTO; SCAPIM, 2004). No entanto, Bueno et al. (2012) relataram que alguns autores consideram que os componentes principais devem reter no mínimo 60% da variação da interação G x E para que os resultados sejam considerados satisfatórios. A proporção observada nesse estudo, encontra-se dentro da porcentagem comumente observada em outros trabalhos, tais como o encontrado por Rocha et al. (2004), os quais em pesquisa com soja utilizando o método AMMI, obtiveram proporções inferiores, com os quatro primeiros componentes principais para explicando 66%, 66% e 44% da soma de quadrados da interação genótipos x ambientes para a produtividade de grãos em estudos com linhagens, respectivamente, precoces, semi-precoces e intermediárias de soja. Casas-Leal (2015) também relatou que os quatro primeiros componentes principais explicaram 56,3% da interação G x E para a produtividade de grãos de soja tipo hortaliça.

Outros estudos de adaptabilidade e estabilidade utilizando o modelo biométrico AMMI para avaliação da produtividade de grãos de soja, obtiveram valores maiores

aos obtidos nesse estudo para os três primeiros componentes principais, dentre os quais: Maia et al. (2006) obtiveram 66,82% para os três primeiros componentes principais; Gurmu et al. (2009) estimaram em 66,15% a contribuição conjunta dos dois primeiros componentes; Tukamuhabwa et al. (2012) relataram uma porcentagem de 63,80% para os três primeiros componentes explicando a G x E; Ascencio-Luciano et al. (2013), ao avaliarem a significância e magnitude da interação genótipos x ambientes na produtividade de grãos de soja, relataram que os dois primeiros componentes principais explicaram 61% da interação genótipos x ambientes. Resultados semelhantes ao obtido no presente estudo também tem sido relatados em outras culturas como em feijão-caupi (ROCHA et al., 2007), em feijão-comum (ARAÚJO et al., 2010; PEREIRA et al., 2009).

Na representação gráfica da análise AMMI, na qual são plotados os escores dos efeitos da interação, para cada genótipo e para cada ambiente, simultaneamente, os genótipos considerados mais estáveis, portanto, os que contribuem pouco ou quase nada para a interação G x E, são aqueles em que os pontos se situam próximos à origem do sistema de coordenadas do gráfico biplot (DUARTE; VENCOVKSY, 1999).

Ao analisar a representação gráfica (Figura 1) do comportamento das populações em relação a PG, verifica-se que as populações que menos contribuíram para a interação, portanto, as mais estáveis foram: USP 04-18.092 (P1), USP 10-10 (P2), USP 04-18.069 (P7), USP 02-16.045 (P10), USP 04-17.039 (P11), USP 02-16.179 (P24) e as testemunhas, BRS 133 (T1) e Monsoy 8001 (T2). No entanto, o melhor genótipo deve combinar desempenho estável e previsível com alto potencial produtivo. Nota-se que as populações P2, P10, P11 e P24 também exibiram produtividade de grãos um pouco acima da média geral (2849 kg ha^{-1}),além de ampla adaptabilidade, podendo assim, ser cultivadas em quaisquer ambientes avaliados no presente estudo. Verifica-se que a P24, além de contribuir pouco para a interação, apresentou a maior produção (2996 kg ha^{-1}), apresentando boa estabilidade. Yokomizo et al. (2013), ao quantificarem os efeitos da interação genótipos x ambientes sobre a produtividade de grãos em soja, também relataram as populações USP 02-16.045 (P10) e USP 10-10 (P2) como genótipos estáveis e amplamente adaptados aos ambientes em estudo.

As populações USP 04-18.111 (P4), USP 02-16.120 (P8), USP 02-16.051 (P9), USP 10-24 (P15), USP 04-17.011 (P17), USP 02-16.140 (P19), USP 11-12 (P22) e

USP 02-16.182 (P23) exibiram médias maiores que a média geral (2849 kg ha^{-1}), porém não foram estáveis. Conforme apresentado na Figura 1, as populações mais produtivas foram USP 02-16.120 (P8 = 3028), USP 02-16.179 (P24 = 2996) e USP 04-17.011 (P17 = 3216 kg ha^{-1}). Dentre os ambientes mais produtivos, houve destaques dos ambientes um (E1(ANHUMAS:FAS)), quatro (E4(ANHUMAS:DFC)), oito (E8(ESALQ:DFC)), onze (E11(AREÃO:FAS)), doze (E12(AREÃO:DFC)) e quinze (E15(AREÃO:FAS)).

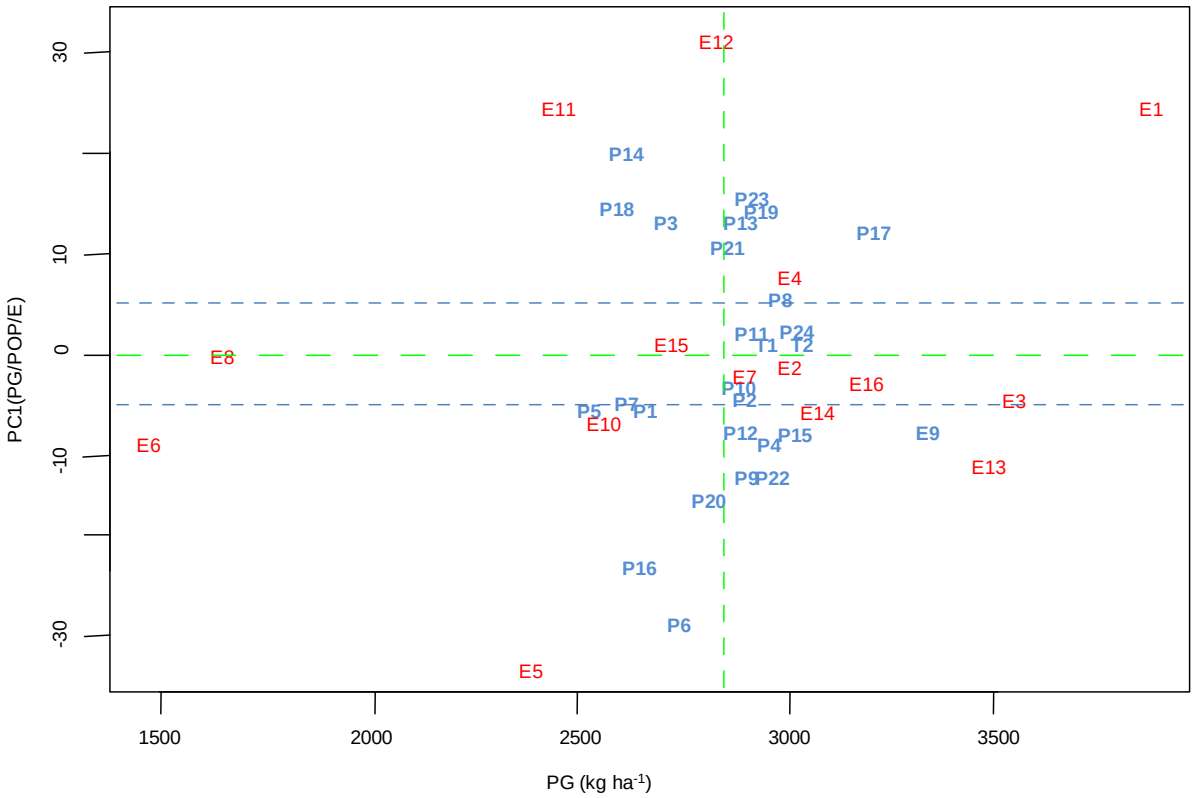


Figura 1- Biplot da análise AMMI1(PC1 *vs* produtividade) do comportamento de 24 populações e duas testemunhas de soja, avaliadas em 16 ambientes, incluindo-se cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12)

Ao analisar o gráfico biplot AMMI2 (Figura 2), observa-se que os ambientes ficaram bem distribuídos e os ambientes oito (E8(ESALQ:DFC)), quinze (E15(AREÃO:FAS)) e dezesseis (E16(AREÃO:DFC)) foram os mais estáveis, ou seja, os que menos influenciaram a interação. Portanto, estes ambientes seriam os mais recomendados para se realizar este tipo de experimentação. Já as populações USP 10-10 (P2), USP 04-18.069 (P7), USP 02-16.045 (P10), USP 04-17.039 (P11), e USP 02-16.179 (P24) destacaram-se como as mais estáveis. Estas populações,

com exceção da P7, apresentaram médias relativamente altas, sendo portanto, consideradas como tendo ampla adaptabilidade, além de alta estabilidade, anteriormente reportada. Realmente, os ambientes e populações mencionados ficaram alocadas próximos à origem dos dois eixos (CP1 e CP2), ou seja, com escores praticamente nulos e com contribuição pequena para a interação total (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Já os ambientes com mais alta instabilidade foram E2(ANHUMAS:DFC), E5 (ESALQ:FAS), E11(AREÃO:FAS) e E12(AREÃO:DFC).

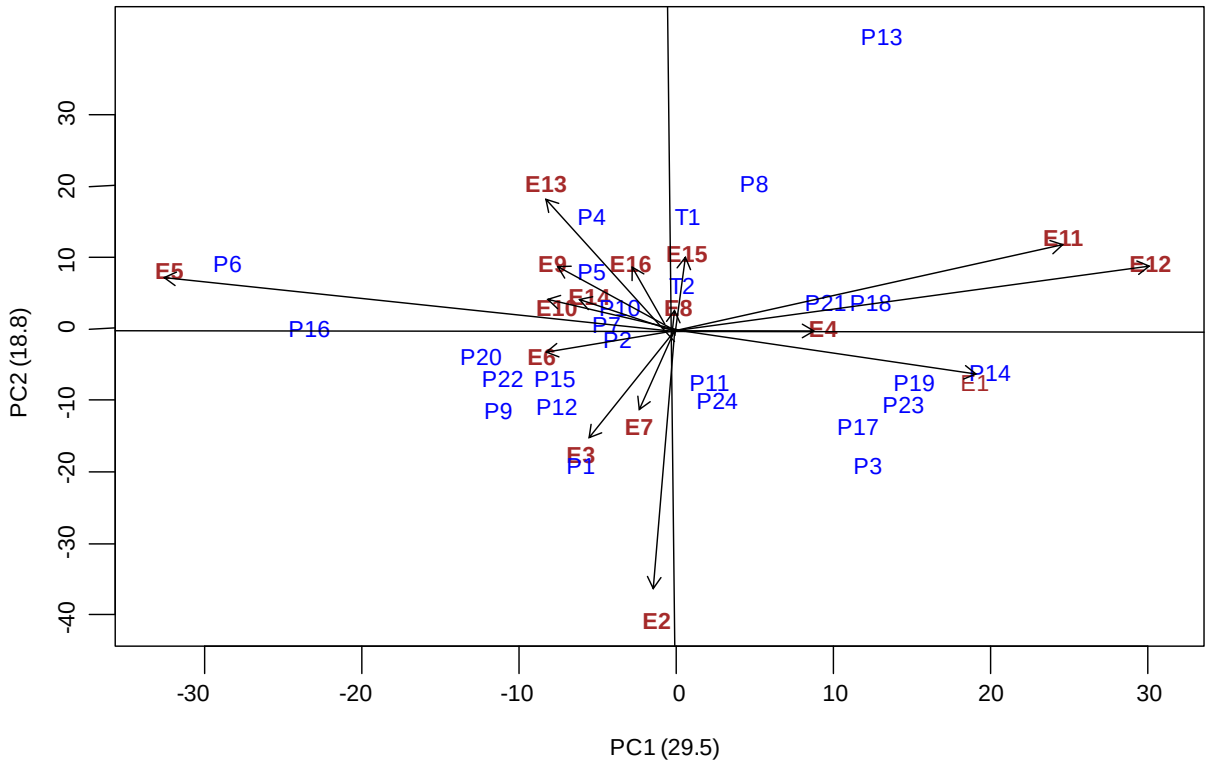


Figura 2 – Biplot AMMI2 (PC1 e PC2) da produtividade de grãos de 24 populações e duas testemunhas de soja, avaliadas em 16 ambientes, incluindo cinco anos agrícolas (2007/08 a 2011/12)

Os comportamentos das populações observados na Figura 1 foram ratificados no biplot AMMI2 (Figura 2), ao qual foi adicionado o segundo eixo da interação. Assim, foi corrigido ou confirmado o comportamento estável das populações P2, P7, P10, P11 e P24 (Figura 2), à semelhança do que foi relatado por Yokomizo et al.(2013). A população USP 04-18.092 (P1) foi a única que não teve confirmada a sua estabilidade aparente na análise biplot AMMI2, indicando que a análise AMMI1 não abrangeu todo um conjunto multidimensional de dados num espaço de dimensão reduzida (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; VICENTE; PINTO; SCAPIM, 2004) e evidenciando a importância do CP2 para explicar a interação G x E

(DUARTE; VENCOVSKY, 1999). No entanto, a população P1 mostrou-se de adaptabilidade específica aos ambientes E2(ANHUMAS:DFC), E3((ANHUMAS:FAS), E6(ESALQ:DFC) e E7(ESALQ:FAS), representados no quadrante inferior à esquerda.

Segundo Duarte e Vencovsky (1999), por meio dos sinais dos escores para cada par de genótipos e ambientes, representados no biplot AMMI, pode-se inferir que os genótipos e ambientes com escores de mesmo sinal devem (quadrantes com os dois componentes, PC1 e PC2, positivos ou negativos) devem interagir positivamente e os de sinais opostos (quadrantes com um componente positivo e o outro componente negativo) devem interagir negativamente. Assim, analisando-se a figura 2, nota-se que as populações USP 02-16.120 (P8), USP 02-16.122 (P13), USP 04-18.091 (P18), USP 98-13.009 (P21) e as testemunhas BRS 133 (T1) e Monsoy 8001 (T2) têm adaptabilidade específica aos ambientes mais produtivos, que são: quatro (E4(ANHUMAS:DFC)), oito (E8(ESALQ:DFC)), onze (E11(AREÃO:FAS)), doze (E12(AREÃO:DFC) e quinze (E15((AREÃO:FAS)). Já as populações USP 04-17.027 (P3), USP 04-17.039 (P11), USP 97-08.057 (P14), USP 04-17.011 (P17), USP 02-16.140 (P19), USP 02-16.182 (P23) e USP 02-16.179 (P24) foram as de maior adaptabilidade frente às variações do ambiente um (E1), ficando também entre os mais produtivos.

Verifica-se que os ambientes cinco (E5(ESALQ:FAS)), nove (E9(ESALQ:FAS)), dez (E10(ESALQ:DFC)), treze (E13(ESALQ:FAS)), quatorze (E14(ESALQ:DFC)) e dezesseis (E16(AREÃO:DFC)) tiveram comportamentos semelhantes. Também se mostraram semelhantes os ambientes dois (E2(ANHUMAS:DFC)), três (E3(ANHUMAS:FAS)), seis (E6(ESALQ:DFC)) e sete (E7(ESALQ:FAS)). Já o ambiente quatro (E4(ANHUMAS:DFC)), apresentou comportamento semelhante aos ambientes oito (E8(ESALQ:DFC)), onze (E11(AREÃO:FAS)), doze (E12(AREÃO:DFC), e quinze (E15(AREÃO:FAS)). O ambiente um (E1(ANHUMAS:FAS)) foi o único a não apresentar semelhança com nenhum outro ambiente.

Diante desses resultados pode-se inferir que os ambientes contribuíram mais para a interação G x E do que os genótipos, pois apresentaram maior dispersão em relação aos genótipos em ambas as representações biplot (Figuras 1 e 2). Resultados similares foram observados por Yokomizo et al. (2013), ao quantificar o

efeito da interação genótipos x ambientes sobre a produtividade de grãos em progênies de soja.

Observa-se que houve contraste de ambientes, envolvendo locais e anos agrícolas, entre E2 e E3 (local Anhumas) *vs* E5, E9, E10, E13 e E14 (local Esalq) *vs* E11 e E12 (local Areão). Outros contrastes observados entre os ambientes foram E1 e E2, E3 e E4 (local Anhumas), E5 e E6 (local ESALQ) e E15 e E16 (local Areão), dentro de locais e anos agrícolas, indicando que os fatores relacionados aos locais foram decisivos na interação G x E. Dessa forma, pode-se inferir que as diferenças entre locais influenciaram mais a interação G x E na produtividade de grãos. Nos ambientes impares (manejo FAS) foi feito o controle químico da ferrugem, enquanto que os ambientes pares (manejo DFC) não se controlou a ferrugem. Resultados diferentes aos desse estudo foram obtidos por Yokomizo et al. (2013), os quais relataram que a interação genótipos x ambientes foi melhor explicada pelas diferenças entre anos agrícolas e entre os manejos FAS e DFC.

Verificou-se pela metodologia AMMI, uma classificação e interpretação simplificada dos resultados de estabilidade e adaptabilidade, sendo que genótipos superiores puderam ser identificados com eficácia. Foi possível observar as combinações mais específicas dos genótipos com os ambientes em termos de produtividade de grãos. No entanto, para uma melhor precisão dos resultados para a adaptabilidade e a estabilidade das populações, faz-se necessário um estudo envolvendo uma maior quantidade de caracteres.

4.4 Análise de divergência por meio do método de otimização de Tocher

4.4.1 Agrupamento considerando os experimentos com manejo FAS

Na Tabela 30, os resultados das análises de variâncias individuais para os experimentos com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) conduzido no ano agrícola 2012/13, demonstraram a existência de diferenças significativas entre as médias das linhagens para o número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), número de internódios na maturidade (NIM), peso de cem sementes (PCS) e acamamento (AC). Efeitos significativos indicam que há variabilidade genética entre as linhagens para esses caracteres.

Tabela 30 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo), com 480 linhagens. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Soja, 2012/13, Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF (dias)	APF(cm)[t]	NIF	NDM (dias)	APM (cm)
Conjuntos	23	2,202**	0,268	1,011	22,051**	136,390
Genótipos	481	8,344**	0,236	1,009	16,059**	207,756*
Linhagens(L)	479	10,651**	0,356	1,181	23,509**	660,047**
Testemunhas (T)	1	80,083**	0,015	0,750	1485,188**	4,689
L*vs*T	1	2105,222**	5,090**	5,094*	1730,334**	31,065
Resíduo	23	0,692	0,328	1,185	3,667	94,905
Média		45,522	50,040	11,314	124,683	75,663
CV(%)		1,83	8,05	9,62	1,54	12,88

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		AIV (cm)[t]	NIM	PG (kg)	PGP (g)[t]	PCS (g)
Conjuntos	23	0,773**	1,296	44798**	0,482	4,837**
Genótipos	481	0,294	3,540**	8347	(471) 0,895	(479) 2,104**
Linhagens(L)	479	0,568	7,654**	24569	(469) 0,967	(477) 4,205*
Testemunhas (T)	1	2,950*	0,521	128754*	1,116	3,979
L*vs*T	1	3,412*	0,532	19712	0,093	4,831
Resíduo	23	0,319	1,521	6897	1,159	0,621
Média		17,850	13,288	494,374	19,610	16,197
CV(%)		13,21	9,28	16,80	24,99	4,87

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipos e linhagens. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 30 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo), com 480 linhagens. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Soja, 2012/13, Piracicaba - SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]		
		NSP [t1]	AC [t]	VA [t]
Conjuntos	23	3,032	0,104**	0,043**
Genótipos	481	(471) 4,820	0,041**	0,015
Linhagens(L)	479	(469) 5,451	0,162**	0,036
Testemunhas (T)	1	11,682	0,019	0,121*
L*vs*T	1	4,814	0,897**	0,353**
Resíduo	23	7,400	0,015	0,012
Média		121,330	1,660	2,490
CV(%)		25,15	8,77	5,95

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipos e linhagens. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).[t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$. [t1]: dados transformados para $X^{0,5}$

Observa-se na Tabela 30, que os coeficientes de variação (CV) oscilaram entre 1,54% e 25,15% para NDM e número de sementes da planta (NSP), respectivamente, mostrando boa precisão experimental. Dalchiavon e Carvalho (2012) obtiveram coeficiente de variação igual a 25,20% para NSP.

De acordo com as análises de variância individuais apresentadas na Tabela 31, para o experimento com manejo FAS conduzido em 2013/14, foram observadas diferenças significativas entre linhagens para número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), peso de cem sementes (PCS) e acamamento (AC), mostrando que existe variabilidade para esses caracteres.

Tabela 31 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo), com 480 linhagens. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Soja, 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF(dias)	APF(cm)[t]	NIF	NDM(dias)	APM(cm)
Conjuntos	23	3,307*	0,766**	1,825	6,866	73,337
Genótipos	481	7,683**	0,288	1,468	17,724**	105,148*
Linhagens(L)	479	11,779**	1,049**	1,949	26,854**	291,088**
Testemunhas(T)	1	14,083*	0,621	3,521	736,333**	42,186
L*vs*T	1	1256,776**	1,114	37,001**	1765,304**	304,993*
Resíduo	23	1,300	0,239	1,216	4,627	48,796
Média		50,829	55,470	11,559	125,011	80,633
CV(%)		2,24	6,56	9,54	1,72	8,75

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		AIV(cm)[t]	NIM	PG(kg)	PGP(g)[t]	PCS(g)
Conjuntos	23	0,359	10,089*	3403	0,391	0,628
Genótipos	481	0,697	3,084	4312	0,431	2,347*
Linhagens(L)	479	0,908**	6,885	5288	0,469	3,597**
Testemunhas(T)	1	0,130	14,083	3169	1,021	0,086
L*vs*T	1	0,011	8,080	10967	0,876	54,883**
Resíduo	23	0,635	4,482	4170	0,356	0,609
Média		24,250	15,256	290	9,280	17,078
CV(%)		16,14	13,88	22,30	18,72	4,57

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 31 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo), com 480 linhagens. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Soja, 2013/14, Piracicaba - SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]		
		NSP[t1]	AC[t]	VA[t]
Conjuntos	23	3,804	0,067	0,040
Genótipos	481	3,059	0,033	0,023
Linhagens(L)	479	3,217	0,112**	0,040
Testemunhas(T)	1	13,006	0,015	0,267*
L*vs*T	1	1,099	0,982**	0,111
Resíduo	23	2,651	0,039	0,051
Média		57,420	1,640	2,930
CV(%)		21,53	13,92	12,32

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. [a]Número de semente por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$. [t1]: dados transformados para $X^{0,5}$.

A Tabela 31, mostra que os CV variaram entre 1,72% (NDM) e 22,30% (PG), indicando uma boa precisão dos experimentos conduzidos. Mesmo o CV observado foi para a PG encontra-se em concordância com os encontrados na literatura (CAVALCANTE et al., 2014; MARQUES, 2014; ROCHA, 2002; SOUSA et al., 2010). Para Pimentel-Gomes (2009) o CV com valor acima de 20%, é considerado alto e indica uma baixa precisão experimental.

A Tabela 32 mostra a análise de divergência para 13 caracteres nos experimentos com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo, nos anos agrícolas 2012/12 e 2013/24. Verifica-se que o método de Tocher, aplicado à matriz de distâncias euclidianas, discriminou 26 grupos distintos. Os três primeiros grupos abrangeram 83,76% das linhagens. O grupo I foi constituído por 345 linhagens (71,88%) e as duas testemunhas, BRS 133 (481) e Monsoy 8001 (482). O grupo II abrangeu 32 linhagens (6,67%) e o grupo III, 25 linhagens (5,21%).

Tabela 32 - Agrupamento obtido pelo método de otimização de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade da distância Euclidiana Média de 480 linhagens e duas testemunhas avaliadas no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim ciclo). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

Grupos	Linhagens
I	333 245 376 340 465 242 330 165 336 190 170 329 337 113 254 383 295 181 398 26 382 335 38 328 393 136 169 480 25 104 13 5 429 175 194 390 248 72 142 433 434 431 380 282 454 364 323 167 24 108 249 438 381 112 164 322 186 339 292 195 179 314 426 176 425 30 299 436 283 365 373 222 198 447 256 432 324 285 422 467 440 185 472 473 281 287 338 392 400 163 241 180 182 445 8 173 421 385 115 32 439 162 255 246 461 479 460 237 171 399 430 291 297 345 448 452 300 101 91 10 120 187 342 233 366 357 293 178 196 231 346 15 22 424 379 450 259 463 326 193 35 361 172 290 161 191 477 14 371 468 154 88 81 377 2 129 110 428 305 177 83 227 225 318 303 313 453 253 226 316 130 451 140 315 102 34 166 20 462 107 363 469 234 200 331 286 114 470 123 289 437 144 347 131 141 145 368 11 374 29 389 103 212 294 369 334 197 192 391 139 106 387 152 311 205 158 155 80 39 257 86 135 301 183 423 236 332 121 4 230 117 105 28 444 251 372 184 446 247 370 122 310 132 312 304 1 19 260 302 77 3 67 481 228 118 148 349 250 7 459 87 443 284 137 378 296 153 159 341 66 98 404 243 288 21 95 33 258 31 435 36 97 395 478 244 119 23 309 111 252 325 427 174 321 449 238 64 150 89 219 307 156 27 125 18 206 37 402 239 384 319 362 94 367 388 96 9 351 348 78 217 189 160 69 85 128 149 168 84 65 475 151 471 270 157 375 221 63 211 214 143 203 74 124 99 458 482
II	262 279 276 277 280 264 353 266 265 278 271 274 267 269 261 263 71 93 229 356 224 272 76 359 352 474 464 358 466 100 49 116
III	417 419 403 418 416 413 414 412 401 408 415 407 405 235 410 406 411 209 409 420 208 220 215 216 204
IV	202 210 207 218 213 68 146
V	43 44 54 45 58 57 56 41 46 42 50 55 60
VI	343 354 344 360 199 16 327 134 62
VII	138 308 306 127 12 240 109 133 317 188 126
VIII	273 275 456
IX	48 52 73 75 232
X	394 397 457 40 90
XI	61 92 147 79 268
XII	201 396 17
XIII	442 455
XIV	82 350
XV	6 53
XVI	476
XVII	70
XVIII	355
XIX	59
XX	441
XXI	386
XXII	47
XXIII	298
XXIV	51
XXV	320
XXVI	223

As linhagens USP 02-16.179-16 (476), USP 04-18.111-10 (70), USP 04-18.091-15 (355), USP 04-17.027-19 (59), USP 02-16.182-01 (441), USP 08-04-06 (386), USP 04-17.027-07 (47), USP 10-24-18 (298), USP 04-17.027-11 (51), USP 02-16.074-20 (320), USP 05-07-01 (223) não se agruparam com as demais, ficando como os únicos representantes de seu grupo (grupos XVI a XXVI). Esses grupos mostraram-se os mais divergentes em relação aos demais. Por outro lado, as linhagens que compõem o grupo I apresentaram baixa diversidade genética entre elas, sugerindo que os cruzamentos entre essas linhagens diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores.

Uma das características da classificação de Tocher é manter a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre os grupos, assim a formação de grupos indica a existência de diversidade entre os genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Consequentemente, os genótipos dentro de um determinado grupo apresentam maior similaridade genética e os genótipos do último grupo apresentam maior divergência em relação àqueles que estão no primeiro grupo.

Observa-se na Tabela 33 que as distâncias intragrupos apresentaram valores aproximados entre os grupos. Todas as distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos, estando de acordo com o critério estabelecido pelo método de Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012)**.** Os grupos X, XI, XIV e XV apresentaram as maiores distâncias intragrupo, estimadas em 4,357, 4,511, 4,638 e 4,654, respectivamente. Portanto, as estimativas da variabilidade dentro destes grupos são maiores que nos demais grupos, sendo assim, as linhagens que foram reunidas nesse grupo podem ser utilizadas quando há interesse por genótipos dentro de um mesmo grupo.

O grupo I, formado com maior número de linhagens, apresentou distância média entre as linhagens igual a 3,913.

O grupo VII apresentou a menor distância média intragrupo (3,551), indicando uma baixa diversidade dentro deste grupo e que se essas linhagens forem utilizadas em cruzamentos a probabilidade de se obter genótipos superiores é mínima. Do grupo XVI ao XXVI, observa-se que a distância média intragrupo foi nula, consequência do fato desses grupos serem constituídos por apenas uma linhagem. As linhagens 476 (USP 04-16.179-16), 70 (USP 04-18.111-10), 355 (USP 04-18.091-15), 59 (USP 04-17.027-20), 441 (USP 02-16.182-01), 386 (USP

08-04-06), 47 (USP 02-16.182-07), 298 (USP 10-24-18), 51 (USP 02-16.182-11), 320 (USP 02-16.074-20) e 223 (USP 05-17-03) constituíram os grupo XVI, XVII, XVIII, XIX, XX, XXI, XXII, XXIII, XXIV, XXV e XXVI, respectivamente.

Tabela 33 - Estimativas da Distância Euclidiana Média intra e intergrupos, referentes a 13 caracteres agromorfológicos avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), nos experimentos com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim ciclo). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	**3,913**	5,948	5,597	5,578	8,000	5,364	5,099	8,874	7,825
II		**4,195**	6,282	6,431	6,386	5,773	7,611	5,474	5,973
III			**3,980**	5,296	6,596	6,614	6,673	8,313	6,214
IV				**3,912**	6,285	6,705	7,209	8,915	6,903
V					**3,869**	8,533	9,429	7,542	5,855
VI						**4,161**	6,904	7,651	6,616
VII							**3,551**	10,799	9,594
VIII								**3,853**	5,936
IX									**4,173**

Grupos	X	XI	XII	XIII	XIV	XV	XVI	XVII	XVII
I	5,657	5,079	5,337	5,570	5,544	10,030	7,296	6,519	5,326
II	5,717	5,451	6,722	7,142	5,649	8,053	6,482	5,954	4,909
III	6,686	5,744	5,593	6,702	6,330	8,994	8,230	6,560	6,686
IV	6,082	5,777	6,133	7,000	5,807	9,418	8,979	6,768	4,969
V	7,458	6,892	6,986	9,042	6,442	9,053	9,212	7,590	7,156
VI	6,136	6,715	6,669	8,013	6,083	7,321	5,188	5,178	5,479
VII	8,183	6,345	6,103	7,244	7,991	11,737	8,046	7,288	7,091
VIII	7,345	8,241	9,295	9,668	7,551	6,984	7,278	7,693	7,153
IX	7,206	7,664	7,679	9,699	6,556	5,619	7,161	5,606	6,964
X	**4,357**	6,294	5,914	5,930	4,927	9,102	7,321	8,024	5,002
XI		**4,511**	6,271	5,748	5,639	10,497	8,444	6,804	5,751
XII			**4,096**	6,582	6,027	10,176	7,349	7,739	6,624
XIII				**3,577**	6,716	12,213	9,767	9,982	7,077
XIV					**4,638**	9,178	7,668	6,749	5,910
XV						**4,654**	6,797	7,247	8,715
XVI							**0,000**	6,672	7,300
XVII								**0,000**	5,959
XVIII									**0,000**

Tabela 33 - Estimativas da Distância Euclidiana Média intra e intergrupos, referentes a 13 caracteres agromorfológicos avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), nos experimentos com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim ciclo). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(conclusão)

Grupos	XIX	XX	XXI	XXII	XXIII	XXIV	XXV	XXVI
I	8,074	5,277	7,135	8,020	4,941	7,343	6,932	4,825
II	6,714	6,465	5,814	6,820	7,604	6,942	7,889	7,912
III	7,496	5,487	7,475	7,765	6,535	6,204	8,452	6,078
IV	7,663	5,244	7,405	6,934	6,636	5,712	8,383	6,905
V	6,533	7,995	6,483	6,484	9,468	5,202	9,654	9,137
VI	8,285	6,512	7,283	8,869	5,942	8,843	7,722	7,063
VII	8,765	7,080	9,549	10,806	6,982	7,846	5,429	5,130
VIII	8,070	8,775	7,018	7,536	10,325	9,548	10,395	10,966
IX	7,322	7,900	7,477	7,566	8,966	7,789	9,947	9,363
X	7,334	5,298	5,742	5,331	6,483	8,711	8,391	7,151
XI	7,832	5,834	6,376	7,451	6,423	5,714	8,224	5,888
XII	6,540	5,868	7,295	7,326	6,581	7,491	6,529	5,156
XIII	8,442	4,857	6,548	7,231	5,931	8,407	8,817	6,459
XIV	8,285	6,917	5,369	5,651	6,286	7,708	9,050	6,446
XV	9,039	9,647	10,018	10,350	10,582	10,948	11,442	12,031
XVI	7,418	8,231	8,499	10,200	8,376	10,473	7,274	8,872
XVII	8,954	8,425	8,891	9,887	8,163	7,395	8,434	7,822
XXIII	7,292	5,437	7,273	6,810	7,464	7,222	6,803	7,682
XIX	**0,000**	7,154	7,070	7,973	9,807	7,418	7,177	10,019
XX		**0,000**	7,122	7,085	5,282	7,431	8,409	6,641
XXI			**0,000**	4,927	7,210	7,661	10,345	9,017
XXII				**0,000**	8,625	8,399	10,954	9,326
XXIII					**0,000**	8,752	9,791	5,519
XXIV						**0,000**	9,329	8,442
XXV							**0,000**	8,083
XXVI								**0,000**

Ainda de acordo com a Tabela 33, os maiores valores de distância intergrupos foram observados entre os grupos VII e XV (11,737), XIII e XV (12, 213), XV e XXV (11,442) e XV e XXVI (12,031), correspondendo às maiores divergências entre grupos. O grupo XV foi o que apresentou as maiores distâncias com os demais grupos, indicando ser o mais divergente entre os 26 grupos formados. Dessa forma, do cruzamento entre as linhagens alocadas no grupo XV

com as linhagens que compõem os grupos VII, XIII, XXV e XXVI podem ser obtidas as melhores combinações. Ainda, é importante ressaltar que o grupo XV reuniu as linhagens com maiores médias para o número de internódios na maturidade (NIM = 21,75), peso de grãos da planta (PGP = 42,37) e número de sementes por planta (NSP = 247,5), caracteres que são de grande relevância para a cultura da soja. Como o número de nós férteis está relacionado com o potencial produtivo da planta de soja, uma vez que representa o número de locais para surgimento do número de vagens (MAUAD et al., 2010; NAVARRO JÚNIOR; COSTA, 2002), é considerado um dos principais componentes da produtividade da soja.

Os grupos I e XXIII (4,941), I e XXVI (4,825), II e XVIII (4,909), IV e XVIII (4,969), X e XIV (4,927), XIII e XX (4,857) e XXI e XXII (4,927) foram os que apresentaram as menores distâncias intergrupos, ou seja, foram os menos divergentes entre os grupos formados.

Segundo Dias et al. (1997), quando um grande número de genótipos são abrangidos em análise de divergência, o mais adequado é considerar as distâncias intra e intergrupos para a escolha dos genótipos a serem utilizados na hibridação. Chiorato et al. (2004) ao quantificarem a divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.), utilizaram as distâncias intragrupos e intergrupos para explicar a divergência genética entre 993 acessos. Em estudo de caracterização da variabilidade fenotípica do banco de germoplasma da pupunheira do Instituto Agronômico, Gomes (2007) também utilizou as distâncias intragrupos e intergrupos para explicar a variabilidade entre 1573 plantas jovens e 1978 plantas adultas de pupunheira. Zuin et al. (2009) em estudo de divergência genética entre 43 acessos de mandioca-de-mesa utilizando o método de Tocher, da mesma forma, utilizaram as distâncias intra e intergrupos.

Segundo Peluzio et al. (2014) as medidas de dissimilaridade e os valores médios dos genótipos podem ser usados para planejar as melhores combinações híbridas, auxiliando assim, na escolha dos genitores.

De acordo com a Tabela 34, quanto aos valores médios intragrupos obtidos em cada agrupamento, observa-se que os grupos I, II e III apresentaram valores semelhantes com relação aos caracteres número de internódios no florescimento (NIF), altura de inserção da primeira vagem (AIV), peso de cem sementes (PCS) e valor agronômico (VA). Para esses grupos todos os caracteres avaliados apresentaram valores intermediários aos maiores e menores valores em relação à

todos os grupos. Ao comparar os grupos I, II e III, observa-se que o grupo I foi composto por linhagens com os menores valores médios para altura da planta no florescimento (APF = 49,4 cm), menor altura da planta na maturidade (APM = 70,2 cm), menor número de internódios na maturidade (NIM = 13,4) e menor acamamento (AC = 1,3). O grupo II diferiu do grupo I e III por apresentar maior número de dias para o florescimento (NDF = 53,4 dias), altura da planta no florescimento (APF = 65,2 cm), número de dias para a maturidade (NDM = 129,0 dias), produtividade de grãos (PG = 409,4 g), peso de grãos da planta (PGP = 17,9 g) e número de sementes por planta (NSP = 120,2). Dessa forma, no grupo II ocorreu a predominância de linhagens com maiores de NDF, APF, NDM, PG, PGP e NSP em relação aos grupos I e III. Já o grupo III apresentou estimativas maiores de APM (115,4 cm), NIM (18,1) e AC (3,06), sendo, portanto, constituído por linhagens como maiores APM, NIM e AC.

O grupo IV reuniu linhagens com estimativas menores de APM (59,3 m) e PG (245,4 g). Para os demais caracteres, esse grupo apresentou valores intermediários. A altura da planta é um caráter relevante, pelo fato de se correlaciona com a altura de inserção da primeira vagem e com a produtividade de grãos. A APM para as linhagens deste grupo se aproximaram da altura mínima de 60 cm desejável comercialmente.

O grupo XIII foi composto por linhagens com menores valores médios intragrupos para AIV (9,5 cm), para NSP (28,0) e valores intermediários para os demais caracteres. O valor observado para AIV ficou pouco abaixo do mínimo de 10 cm desejável para cultivares comerciais.

Ainda na Tabela 34, nota-se que as linhagens do grupo XV apresentaram maiores valores médios intragrupos para o NIM (21,8), PGP (42,4 g) e NSP (247,5). O restante dos caracteres demonstraram valores intermediários. Esse grupo pode ser utilizado no programa de melhoramento de soja com objetivo de melhorar a produtividade de grãos, pois possuem os maiores valores para os caracteres que estão diretamente associados à produtividade.

Tabela 34 - Valores médios intragrupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim ciclo). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Grupos	NDF (dias)	APF (cm)	NIF	NDM (dias)	APM (cm)	AIV (cm)	NIM
I	46,9	49,41	11,2	123,9	70,2	20,54	13,4
II	53,4	65,2	12,4	129,9	94,1	19,9	15,6
III	44,8	53,2	11,1	122,5	115,4	20,5	18,1
IV	45,4	45,0	11,0	119,6	59,3	18,9	12,6
V	46,6	56,8	12,1	120,4	106,8	31,8	17,7
VI	48,7	50,9	11,6	123,6	72,5	19,7	14,5
VII	53,6	76,9	12,8	124,3	130,1	38,1	18,8
VIII	53,6	58,5	10,9	125,8	88,0	21,5	14,3
IX	50,4	63,0	12,6	123,6	114,0	22,5	19,3
X	49,2	58,0	12,4	130,1	89,0	19,3	15,4
XI	54,8	82,5	13,3	135,7	115,0	12,2	18,3
XII	45,8	50,0	11,8	123,5	87,5	24,2	14,3
XIII	46,5	50,0	9,5	131,0	92,5	12,5	13,5
XIV	51,8	67,5	12,2	124,8	82,5	25,0	13,8
XV	50,5	67,5	12,8	123,2	128,8	21,2	21,8
XVI	52,5	57,5	12,0	127,5	77,5	15,0	15,0
XVII	52,5	52,5	13,5	118,5	77,5	25,0	16,5
XVIII	50,0	57,5	14,0	127,5	82,5	25,0	16,0
XIX	54,0	57,5	11,5	125,0	120,0	27,5	19,5
XX	45,0	47,5	10,0	130,0	110,0	20,0	18,5
XXI	55,5	65,0	10,5	136,5	92,5	32,5	16,0
XXII	50,0	72,5	13,0	135,0	115,0	30,0	16,5
XXIII	44,0	42,5	8,5	127,0	67,5	25,5	13,0
XXIV	53,0	65,0	11,0	121,0	122,0	42,5	17,5
XXV	46,0	55,0	13,5	119,5	62,5	17,5	12,5
XXVI	45,5	45,0	9,0	121,0	65,0	15,0	11,5

[a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM) e altura de inserção da primeira vagem (AIV).

Tabela 34 - Valores médios intra grupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), no manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim ciclo). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(conclusão)

Grupos	PG(kg)	PGP(g)	PCS(g)	NSP	AC	VA
I	371,8	13,5	16,7	84,0	1,34	2,67
II	409,4	17,9	15,3	120,2	2,82	2,53
III	340,0	13,8	17,0	79,6	3,06	2,300
IV	245,4	8,5	14,3	59,8	1,04	2,32
V	394,3	12,2	17,3	73,1	1,71	3,07
VI	359,1	26,3	16,1	167,6	1,50	2,75
VII	383,4	14,0	18,4	76,3	3,92	2,15
VIII	370,0	8,4	16,0	55,8	2,40	2,70
IX	391,0	24,3	17,2	137,3	3,40	2,40
X	482,2	18,6	20,3	100,1	1,40	3,00
XI	465,7	25,3	15,2	169,5	3,67	2,33
XII	304,7	13,4	20,9	76,3	2,50	2,17
XIII	509,0	5,2	18,4	28,0	1,50	2,75
XIV	461,0	18,2	20,2	101,5	1,75	2,50
XV	380,5	42,4	15,7	247,5	3,25	2,75
XVI	270,0	35,6	16,5	193,5	1,00	2,00
XVII	282,0	21,5	13,0	173,0	3,00	2,50
XVIII	422,0	14,7	15,0	99,5	1,50	3,50
XIX	426,0	19,0	17,9	84,0	3,50	2,00
XX	374,0	13,4	18,0	68,5	1,50	3,50
XXI	561,0	17,1	19,3	91,5	2,50	2,00
XXII	567,0	13,7	22,6	71,5	3,50	3,00
XXIII	389,0	18,00	18,6	120,0	1,00	3,00
XXIV	332,0	4,7	14,1	30,0	4,00	2,50
XXV	289,0	11,4	14,7	79,0	1,00	2,00
XXVI	222,0	8,7	19,9	51,0	1,50	2,50

[a]Produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

O grupo XVII foi representado por uma única linhagem com os maiores valores médios intragrupos para NIF (13,5) e os menores valores para NDM (118,5 dias) e PCS (13,0 g).

O grupo XXII foi formado por uma linhagem com os maiores valores médios intragrupos para o PG (567,0 kg) e PCS (22,6 g). Já para os demais caracteres foram observadas médias interpostas aos menores e maiores valores. A linhagem desse grupo exibiu um alto potencial produtivo. Alta produtividade é considerada como o principal objetivo da maioria dos programas de melhoramento de soja, estando relacionada com o número de vagens por planta, número de sementes por vagem e peso de sementes (BORDIGNON et al., 2015; MALEK et al., 2014).

Para o grupo XXIV os maiores valores médios intragrupos foram observados para AIV (42,5 cm) e AC (4,00), o menor valor para PGP (4,7 g) e valores intermediários para os demais caracteres. Com isso, verifica-se que as médias para AIV estão muito acima da altura desejável para cultivares recomendadas à colheita mecanizada. Além disso, a linhagem desse grupo também se mostrou muito acamada.

Os demais grupos apresentaram valores médios intragrupos interpostos entre os maiores e menores valores para todos os caracteres.

De acordo com a formação dos grupos, pode-se inferir que o grupo XV foi o melhor grupo para o peso de grãos e número de sementes por planta. No entanto, apresentou níveis indesejáveis de APM, AIV e AC indesejáveis. Os grupos I, V, VI, X e XIII apresentaram valores médios aceitáveis para os caracteres.

4.4.2 Agrupamento considerando os experimentos com manejo DFC

Observa-se na Tabela 35, que as análises de variância individuais para os experimentos com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem) realizados em 2012/13 para os 13 caracteres detectaram diferenças significativas entre as linhagens para NDF, APF, NDM, APM, NIM, PCS e AC, indicando a existência de variabilidade entre as linhagens para estes caracteres.

Na Tabela 35, os CV para o experimento com manejo DFC variaram entre 1,35% (NDM) e 20,14% (PG), mostrando uma boa precisão experimental. No presente trabalho, o CV para a produtividade de grãos ficou dentro do limite aceitável para a cultura da soja (CAVALCANTE et al., 2014; MARQUES, 2014;

ROCHA, 2002; SOUSA et al., 2010;). Pimentel-Gomes (2009) considera valores inferiores a 20% para o coeficiente de variação como de boa precisão experimental.

Tabela 35 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no manejo DFC (controle das doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem), com 480 linhagens. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13, Piracicaba – SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrados médios dos caracteres [a]				
		NDF (dias)	APF(cm)[t]	NIF	NDM(dias)	APM (cm)
Conjuntos	23	2,245**	0,323	1,562	8,563**	345,799**
Genótipos	481	9,031**	0,202	1,078	34,644**	193,599**
Linhagens (L)	479	13,549**	0,481**	1,438	38,167**	601,707**
Testemunhas (T)	1	46,021**	0,028	0,333	242,415**	488,580
L*vs*T	1	2178,718**	4,387**	0,061	781,781**	190,494
Resíduo	23	0,543	0,178	1,289	2,633	45,368
Média		46,756	56,220	10,924	120,354	84,320
CV(%)		1,58	5,60	10,40	1,35	7,99

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		AIV(cm)[t]	NIM	PG(kg)	PGP(g)[t]	PCS(g)
Conjuntos	23	1,523**	2,622	25898**	1,692**	1,952**
Genótipos	481	0,369	(480)3,044*	5217	(473)0,458	(479)1,654**
Linhagens (L)	479	0,605	5,959**	9172	(471)0,695	(477)3,879**
Testemunhas(T)	1	1,980	0,521	32813	0,390	42,244**
L*vs*T	1	1,302	1,219	7036	1,049	87,674**
Resíduo	23	0,242	1,477	5761	0,336	0,526
Média		22,500	13,214	376,930	19,500	13,005
CV%		10,19	9,20	20,14	18,45	5,58

* e **: significativo a 5 e 1 %, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 35 - Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo) com 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13, Piracicaba - SP (conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrados médios dos caracteres [a]		
		NSP [t1]	AC [t]	VA [t]
Conjuntos	23	14,031**	0,245*	0,032
Genótipos	481	(473)3,533	0,064	(480)0,018
Linhagens (L)	479	(471)7,665	0,282*	0,029
Testemunhas (T)	1	24,463	0,488	0,139*
L*vs*T	1	1,819	0,126	0,121*
Resíduo	23	2,696	0,103	0,028
Média		81,614	2,050	2,380
CV(%)		19,06	19,31	9,09

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).[t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$. [t1]: dados transformados para $X^{0,5}$.

De acordo com a Tabela 36, as análises de variância individuais realizadas para o experimento com manejo DFC, no ano agrícola 2013/14, mostram que as fontes de variação linhagens foram significativas pelo teste F para NDF, APF, APM, NIM, NDM e AC, indicando que existe variabilidade genética entre as linhagens para esses caracteres.

Os CVs, representados na Tabela 36, oscilaram entre 1,36% para NDM a 24,09% para PGP, indicando boa precisão experimental.

Observa-se que tanto os CV para os experimentos com manejo FAS e quanto manejo DFC, conduzidos durante os anos agrícolas 2012/13 e 2013/14, apresentaram magnitudes semelhantes. Com CV baixos para NDF (< 2,09%), APF (< 8,49%), NIF (< 10,40%), NDM (< 1,72%) e PCS (< 8,21%) e intermediários para os caracteres AIV, variando entre 10,19% e 16,15%. Os CV foram de média a alta magnitude para APM (< 14,29%), NIM (< 13,88%), AC (< 19,31%) e VA (< 12,32%). Os maiores CV observados foram para o PG (< 22,39%), PGP (< 24,99%) e NSP (< 25,15%).

Tabela 36- Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo) com 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001. Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrados médios dos caracteres [a]				
		NDF (dias)	APF(cm) [t]	NIF	NDM (dias)	APM (cm)
Conjuntos	23	8,638**	0,292	1,957	77,016**	100,996
Genótipos	481	6,970**	0,322	1,353	49,697**	140,918
Linhagens (L)	479	13,803**	0,635**	2,128	92,535**	309,995**
Testemunhas(T)	1	4,083	1,041	0,333	875,510**	352,083
L*vs*T	1	1285,232**	4,575**	20,625**	1979,674**	61,103
Resíduo	23	1,127	0,418	0,986	2,869	144,475
Média		50,899	57,576	11,875	124,272	84,133
CV(%)		2,09	8,49	8,36	1,36	14,29

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		AIV (cm) [t]	NIM	PG (kg)	PGP (g) [t]	PCS (g)
Conjuntos	23	0,531	2,374	2805	0,684	15,604**
Genótipos	481	0,662	(477) 3,069	(478) 4581	0,619	2,439
Linhagens(L)	479	0,789	5,162**	(476) 6100	(461) 0,682	(476) 9,358
Testemunhas(T)	1	0,513	4,695	11844	0,028	18,167
L*vs*T	1	6,268**	2,093	4776	0,832	8,621
Resíduo	23	0,568	1,757	5028	0,645	1,663
Média		24,330	15,656	316,617	11,060	15,712
CV(%)		15,21	8,47	22,39	24,09	8,21

* e **: significativo a 5 e 1 %, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 36- Análises de variância individuais para 13 caracteres quantitativos avaliados no experimento com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo) com 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001). Experimento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto experimental formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2013/14, Piracicaba – SP (conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrados médios dos caracteres [a]		
		NSP [t1]	AC [t]	VA [t]
Conjuntos	23	5,434	0,083	0,026
Genótipos	481	4,119	0,047	0,022
Linhagens(L)	479	(467) 4,769	0,101*	0,032
Testemunhas(T)	1	0,023	0,008	0,101
L*vs*T	1	6,663	0,506**	0,0002
Resíduo	23	3,777	0,044	0,034
Média		71,023	1,750	2,964
CV(%)		23,59	14,37	9,92

* e **: significativo a 5 e 1 %, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$. [t1]: dados transformados para $X^{0,5}$.

Observa-se na Tabela 37, que o método de otimização de Tocher reuniu as linhagens em 25 grupos, ao considerar os dados para os caracteres avaliados nos experimentos com manejo DFC. O primeiro grupo foi representado por 344 linhagens (71,67%) e as duas testemunhas. O segundo grupo abrangeu 22 linhagens (4,58%). Os demais 23 grupos abrangeram 114 linhagens (23,75%).

Foram verificadas modificações quanto à formação dos grupos, quando comparado ao agrupamento realizado somente com os dados obtidos nos experimentos com manejo FAS, em que foram formados 26 grupos, como mostrado, anteriormente, na Tabela 32.

Nove linhagens, USP 02-16.182-16 (456), USP 10-10-17 (37), USP 02-16.179-18 (478), USP 04-18.091-09 (349), USP 10-24-06 (286), USP 04-18.063-09 (109), USP 02-16.122-13 (253), USP 02-16.045-07 (188), e USP 04-17.027-08 (48), foram as mais divergentes em relação aos outros grupos, ficando sozinhas nos grupos XVII ao XXV.

Tabela 37 - Agrupamento obtido pelo método de otimização de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade da distância Euclidiana de 480 linhagens e duas testemunhas (BRS133 e Monsoy 8001) avaliadas no manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto com 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

Grupo	Linhagens
I	214 217 211 220 216 206 204 208 219 218 202 10 14 110 11 15 89 102 150 72 422 133 135 125 113 284 24 432 30 424 283 333 282 467 87 39 23 429 34 294 427 242 327 29 281 328 129 339 334 380 64 430 448 13 255 383 392 248 289 431 310 436 311 246 373 324 25 433 186 307 375 239 468 199 172 452 376 384 332 28 450 325 197 297 126 337 398 298 292 425 196 445 336 227 296 223 17 371 107 330 238 122 443 438 335 193 361 182 225 439 479 241 477 387 437 171 12 370 234 91 369 444 183 20 382 480 377 461 435 254 299 259 459 460 469 446 326 256 165 192 237 198 291 118 181 421 372 32 340 177 391 260 381 101 319 453 462 194 393 295 80 106 288 470 366 96 187 120 338 314 426 124 19 174 88 97 117 145 114 390 130 385 317 245 321 379 27 16 312 302 95 303 127 318 104 304 141 98 300 158 226 184 399 100 200 287 160 85 323 189 360 465 31 472 313 428 147 154 140 33 83 434 293 156 249 212 94 190 365 162 81 451 178 170 175 481 35 22 285 134 463 308 105 84 108 131 136 476 374 447 458 79 132 69 329 359 185 230 157 454 180 244 26 195 363 315 222 250 155 149 86 123 346 357 449 137 61 18 70 36 138 309 21 38 99 368 442 143 316 128 347 67 362 301 167 251 322 305 258 473 221 395 440 388 92 115 77 397 3 358 367 112 475 228 148 235 62 464 169 257 320 455 466 345 121 152 49 482 103 168 240 389 161 331 236 252 378 66 68 90 78 344 4 205 166 415
II	411 414 420 416 413 404 418 403 412 406 417 408 410 401 402 407 232 405 209 6 419 224
III	264 270 261 353 265 280 262 278 263 269 271 266 355 351 356 348 352 76 44 386
IV	53 59 73 42 43 50 54 56 45 41 55 52 58 57 74 47 60 51 46
V	273 274 267 275 276 279 277 268
VI	207 215 210 2 213 203
VII	93 146 153 142 144 159 394 116 343 457 364 40
VIII	173 176 163 164 179 1 5 471 231
IX	243 247 474
X	396 400 63 350 111 139 82 229
XI	290 306 9 8 342 354 7 119
XII	71 341 423
XIII	409 441 201
XIV	151 191
XV	65 233
XVI	75 272
XVII	456
XVIII	37
XIX	478
XX	349
XXI	286
XXII	109
XXIII	253
XXIV	188
XXV	48

A Tabela 38 mostra que as distâncias médias intragrupos, para os experimentos com manejo DFC, foram bastante similares até o agrupamento XVI, com exceção do agrupamento V, evidenciando a baixa diversidade dentro destes grupo. Todas as distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos, concordando com critério proposto pelo método de Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O grupo XVI (4,653) foi o que apresentou a maior distância média intragrupos, evidenciando que a variabilidade dentro desse grupo é maior que nos demais grupos, indicando existir maior probabilidade de sucesso na seleção dentro deste grupo.

O grupo V apresentou a menor distância média intragrupos, indicando que há uma probabilidade baixa de obter genótipos superiores, ao serem realizados cruzamentos entre as linhagens desse grupo. Observa-se que os grupo XVII a grupos XXV foram todos constituídos por uma única linhagem e, por isso, as distâncias médias intragrupos foram nulas.

Ainda na Tabela 38, observa-se que as máximas distâncias intergrupos foram observadas entre os grupos V e VIII (10,526), V e XXII (10,114), V e XIV (11,408) V e XXIII (10,946), V e XXIV (10,568), XVII e XXIII (10,018), XIX e XXV (10,872), XXI e XXV (10,714), XXII e XXV (10,585), XXIII e XXV (10,303) e XXIV e XXV (10,087), representando as maiores divergências entre grupos. Certamente, descendentes superiores deverão ser obtidos nos cruzamentos entre as linhagens que compõem as combinações de grupos anteriores. Os grupo V e XXV foram os que apareceram mais vezes com relação às distâncias intergrupos, formando as maiores distâncias com outros grupos, indicando serem os mais divergentes entre os 25 agrupamentos formados. As menores distâncias foram obtidas entre os grupos I e VIII (4,958), I e X (4,960), I e XIV (4,867), II e XIII (4,860), III e XX (4,677), VII e IX (4,943), XI e XIX (4,884) e XXI e XXIII (4,767), evidenciando serem os grupos menos divergentes.

Tabela 38 - Estimativas da Distância Euclidiana Média intra e intergrupos, referentes a 13 caracteres agromorfológicos avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), nos experimentos com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	**3,887**	5,884	6,899	6,779	9,243	5,096	5,005	4,958	5,063
II		**3,833**	6,692	5,963	8,387	5,270	6,893	6,978	7,222
III			**4,019**	5,590	5,149	7,205	6,900	8,068	6,560
IV				**3,951**	7,094	5,745	6,370	8,397	7,656
V					**3,430**	9,558	9,426	10,526	9,144
VI						**4,014**	5,904	6,237	7,052
VII							**4,110**	6,923	4,943
VIII								**3,858**	6,503
IX									**3,811**

Grupos	X	XI	XII	XIII	XIV	XV	XVI	XVII	XVIII
I	4,960	5,528	5,268	5,725	4,867	5,521	8,034	7,550	6,523
II	5,665	5,756	6,441	4,860	7,088	5,661	6,841	5,509	6,125
III	6,540	6,375	5,797	7,681	8,750	6,190	6,247	5,127	6,834
IV	5,884	6,475	6,066	6,430	8,646	6,021	7,121	5,820	7,134
V	8,525	7,233	6,880	9,747	11,408	8,499	6,025	6,090	7,568
VI	5,379	6,031	5,971	5,364	6,834	5,989	8,367	7,175	7,326
VII	5,451	7,058	5,793	5,942	5,371	6,189	9,012	7,831	7,363
VIII	6,326	6,247	7,374	7,298	5,450	5,500	8,374	8,637	7,474
IX	6,250	7,315	6,028	6,899	5,042	6,418	8,879	7,657	7,403
X	**4,029**	5,474	5,552	5,681	6,237	5,469	7,934	6,985	6,204
XI		**4,023**	5,110	6,660	7,502	5,577	5,845	6,812	5,120
XII			**3,856**	6,747	7,507	7,117	7,356	6,925	6,483
XIII				**4,140**	6,329	6,335	8,617	6,117	5,634
XIV					**3,953**	6,082	9,479	9,328	7,834
XV						**4,058**	6,279	6,607	5,905
XVI							**4,653**	6,465	6,832
XVII								**0,000**	5,457
XVIII									**0,000**

Tabela 38 - Estimativas da Distância Euclidiana Média intra e intergrupos, referentes a 13 caracteres agromorfológicos avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), nos experimentos com manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(conclusão)

Grupos	XIX	XX	XXI	XXII	XXIII	XXIV	XXV
I	6,757	6,243	5,730	5,972	5,322	5,171	8,059
II	6,532	6,788	7,521	6,983	7,646	6,401	8,096
III	8,648	4,677	7,718	9,043	8,671	8,628	7,222
IV	8,628	5,930	8,660	9,107	8,943	8,657	5,069
V	8,921	7,352	8,749	10,114	10,946	10,568	8,966
VI	7,817	6,412	7,173	7,329	6,622	6,608	7,000
VII	8,834	6,476	7,760	7,624	7,010	6,936	6,563
VIII	7,202	6,366	6,639	7,408	5,285	5,565	9,838
IX	8,613	6,394	6,637	7,357	6,112	6,871	8,781
X	6,448	5,951	7,072	6,361	7,584	5,338	6,572
XI	4,884	6,526	5,901	5,974	7,457	5,944	8,629
XII	6,860	6,807	5,264	5,632	7,162	6,658	7,623
XIII	7,745	7,073	8,738	7,574	8,484	5,697	7,845
XIV	8,010	7,872	7,622	6,762	5,731	5,633	9,408
XV	6,868	5,116	7,911	8,117	7,150	6,828	7,725
XVI	6,849	7,509	8,254	8,810	9,055	9,160	9,480
XVII	8,376	5,180	9,289	9,599	10,018	8,248	7,992
XXIII	5,982	6,456	8,286	7,756	9,727	5,609	9,515
XIX	**0,000**	9,104	6,285	5,003	8,172	5,936	10,872
XX		**0,000**	8,483	9,765	8,487	7,457	7,014
XXI			**0,000**	5,237	4,767	7,261	10,714
XXII				**0,000**	7,046	5,465	10,585
XXIII					**0,000**	7,978	10,303
XXIV						**0,000**	10,087
XXV							**0,000**

Verifica-se na Tabela 39 que, similarmente ao agrupamento para os experimentos com manejo FAS, os grupos I, II e III apresentaram valores médios intragrupos semelhantes para número de internódios no florescimento (NIF), altura de inserção da primeira (AIV) e valor agronômico (VA). No entanto, ao comparar os grupos I, II e III para esse agrupamento (manejo DFC), o grupo I reuniu linhagens com menores valores médios intragrupos para altura da planta no florescimento (APF = 52,8 cm), número de dias para a maturidade (NDM = 121,4 dias), altura da

planta na maturidade (APM = 76,9 cm), número de internódios na maturidade (NIM = 13,9), produtividade de grãos (PG = 345,3 kg), peso de grãos da planta (PGP = 9,7 g), número de sementes por planta (NSP = 69,6) e acamamento (AC = 1,51). Pode-se inferir que o grupo I apresentou valores médios desejáveis para AC. O grupo II diferiu dos grupos I e III, por apresentar linhagens com maiores valores para APM (118,2 cm), NIM (17,4), PGP (15,2 g) e peso de cem sementes (PCS = 17,6 g). O grupo III diferiu dos grupos I e II por possuir os maiores valores para NDF (55,0 dias), APF (83,0 cm), NDM (127,2 dias), PG (387,0 g), NSP (102,0) e AC (4,36).

As linhagens que constituíram o grupo IV apresentaram maiores médias para APM (130,3 cm); altura excessiva poderá levar a problemas com acamamento das plantas no campo e dificultar a colheita mecanizada.

O grupo V foi constituído por linhagens com maiores valores para NDF (56,2 dias) e APF (94,7 cm).

O grupo VII reuniu as linhagens com maiores valores para o VA (3,40). Caráter relevante para a seleção de plantas, uma vez que vários caracteres importantes são considerados ao se atribuir as notas visuais de VA.

Nota-se que no grupo IX foi composto pelas linhagens com os menores valores de PGP (5,4 g) e NSP (43,8).

As linhagens que constituíram o grupo XIV apresentaram o menor valor para NIM (10,5) e maior número de internódios no florescimento (NIF=8,8). Apresentando também excelente média para o AC (1,00), ou seja, ausência de acamamento.

O grupo XVI reuniu as linhagens com menor valor médio para PCS (11,0 g), e maiores valores para NSP (189,0) e para AC (4,50). Este grupo apresentou plantas muito acamadas e, consequentemente, perdas na produtividade de grãos; valores tão altos de acamamento poderão ocasionar perdas tanto qualitativas quanto quantitativas das plantas (SOUZA et al., 2013).

O grupo XVII foi representado por uma única linhagem, que apresentou os maiores valores médios para NDM (133,0 dias) e NIM (21,0). A linhagem desse grupo apresentou um alto número de internódios, o que indica alto potencial produtivo; porém, mostraram ciclo bastante tardio e altura da planta na maturidade um pouco maior que a altura ideal para que seja realizada colheita mecanizada.

Tabela 39 - Valores médios intragrupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja, nos experimentos com manejo DFC (controle doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem). Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Grupos	NDF (dias)	APF (cm)	NIF	NDM (dias)	APM (cm)	AIV (cm)	NIM
I	47,6	52,8	11,2	121,4	76,9	23,4	13,9
II	46,4	58,4	10,4	122,6	118,2	21,8	17,4
III	55,0	83,0	12,8	127,2	107,2	21,4	15,7
IV	54,2	72,8	13,0	121,2	130,3	32,2	19,1
V	56,2	94,7	13,8	129,3	116,9	18,8	16,6
VI	44,8	52,9	11,9	118,0	105,0	27,1	17,9
VII	52,5	63,4	11,5	124,6	87,3	33,0	14,1
VIII	45,4	45,6	10,6	119,2	65,8	17,8	12,3
IX	52,3	56,7	10,8	128,8	75,0	24,2	11,5
X	50,7	57,5	12,6	123,1	77,1	31,2	14,4
XI	47,9	59,1	12,2	120,2	79,7	19,1	15,3
XII	50,8	63,3	12,8	123,5	85,8	20,0	15,3
XIII	46,3	55,0	10,8	125,0	116,7	24,2	18,5
XIV	49,2	46,2	8,8	122,7	70,0	27,5	10,5
XV	51,8	55,0	10,8	121,5	85,0	30,0	15,0
XVI	53,0	72,5	10,0	123,0	110,0	20,0	16,5
XVII	50,5	75,0	12,0	133,0	130,0	18,0	21,0
XVIII	50,0	60,0	13,0	128,0	85,0	15,0	18,0
XIX	46,0	43,0	11,0	122,0	70,0	20,0	14,0
XX	52,0	78,0	14,0	127,0	90,0	20,0	16,0
XXI	44,0	55,0	12,0	119,0	65,0	15,0	11,0
XXII	45,0	40,0	11,0	123,0	53,0	20,0	11,0
XXIII	43,0	50,0	9,0	117,0	75,0	25,0	11,0
XXIV	47,0	45,0	12,0	123,0	63,0	10,0	13,0
XXV	56,0	88,0	14,0	122,0	128,0	48,0	18,0

[a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV).

Tabela 39 - Valores médios intragrupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja, nos experimentos com manejo DFC (controle doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem).Delineamento em blocos aumentados de Federer (sem repetições), cada conjunto formado por 20 linhagens de cada uma das 24 populações e duas testemunhas. Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(conclusão)

Grupos	PG (kg)	PGP (g)	PCS (g)	NSP	AC	VA
I	345,3	9,7	14,952	69,6	1,51	2,76
II	355,0	15,2	17,635	91,1	3,50	2,23
III	387,0	12,1	12,759	102,0	4,36	2,03
IV	351,5	13,2	14,859	86,8	3,90	2,50
V	428,8	20,3	11,593	176,6	4,12	2,00
VI	333,5	9,2	16,042	61,3	3,00	2,67
VII	385,2	7,0	15,400	50,0	1,64	3,40
VIII	245,4	7,9	13,110	62,6	1,83	2,17
IX	440,7	5,4	14,158	43,8	1,50	2,67
X	284,0	13,7	17,611	92,2	2,00	2,33
XI	332,4	19,3	14,063	143,5	2,94	2,62
XII	436,7	15,5	14,445	116,3	2,17	3,17
XIII	330,0	11,4	18,657	66,2	2,17	3,17
XIV	329,0	6,5	16,250	48,2	1,00	3,00
XV	281,0	11,0	13,668	90,8	3,75	2,00
XVI	324,0	20,6	11,010	189,0	4,50	2,00
XVII	326,0	14,3	14,850	98,0	4,00	2,00
XVIII	325,0	17,0	15,540	138,0	2,00	3,00
XIX	327,0	28,8	15,750	171,0	1,00	2,00
XX	246,0	6,0	12,790	48,0	4,00	2,00
XXI	506,0	15,1	12,970	123,0	1,00	2,00
XXII	424,0	21,4	18,290	144,0	2,00	3,00
XXIII	424,0	7,0	11,680	62,0	1,00	2,00
XXIV	255,0	15,0	19,080	77,0	1,00	3,00
XXV	260,0	9,0	16,330	72,0	4,00	3,00

[a]Produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

Na Tabela 39, nota-se que o maior valor de peso de grãos da planta (PGP) (28,8 g) foi apresentando pela linhagem que constituiu o grupo XIX. Esse grupo também apresentou médias satisfatórias para altura da planta na maturidade (APM = 70,0 cm), altura de inserção da primeira vagem (AIV = 20,0 cm), peso de grãos (PG = 327,0 kg), número de sementes por planta (NSP = 171,0) e acamamento (AC = 1,00). Portanto, esta linhagem tem bom potencial para ser utilizada em cruzamentos visando-se melhorar esses caracteres.

O grupo XXI apresentou o maior valor para PG (506,0 kg). O grupo XXII foi constituído por linhagens que apresentaram menores valores médios para APF (40,0 cm) e APM (53,0 cm). Essa linhagem pode ser recomendada para melhorar a produtividade de grãos, o caráter mais focado nos programas de melhoramento. No entanto, apresentou uma altura da planta na maturidade inferior a altura recomendada para a colheita mecanizada.

Nota-se que no grupo XXIII foram reunidas as linhagens que apresentaram os menores valores médios para NDF (43,0 dias), NDM (117,0 dias) e AC (1,00).

Os menores valores médios para altura de inserção da primeira vagem (AIV= 10,0 cm), acamamento (AC = 1,00) e maior valor médio para PCS (19,1) foram observados para a linhagem do grupo XXIV. Além de apresentar altura mínima (10 cm) de inserção da primeira vagem, exibiu médias com baixos valores para acamamento, um caráter que está relacionado com a altura da planta e de inserção da primeira vagem e, com a produtividade.

O grupo XXV foi composto pela linhagem com maiores valores médios para NIF (14,0) e AIV (48,0).

De acordo com a formação dos grupos, pode-se inferir que os grupos XII, XIX e XVIII mostraram valores médios desejáveis para APM, AIV, PG, PGP, NSP e AC. As linhagens desses grupos podem ser utilizadas em cruzamentos quando o objetivo for o melhoramento desses caracteres. As linhagens que foram reunidas no grupo VII também exibiram valores médios aceitáveis para os caracteres, exceto para AC.

4.4.3 Agrupamento considerando a combinação de experimentos dos dois manejos (FAS + DFC)

Nos resultados apresentados na Tabela 40 sobre a análise de variância conjunta para os dois anos agrícolas 2012/13 e 2013/14, foram observados efeitos

significativos para genótipos (G) para oito caracteres, exceto número de internódios no florescimento (NIF), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), número de sementes por planta (NSP) e valor agronômico (VA). Mostrando a existência de variabilidade genética para esses caracteres.

Com relação à fonte de variação fungicidas (F) foi verificado efeito significativo para todos os caracteres, sendo não significativo para número de internódios no florescimento (NIF) e valor agronômico (VA). Também foram detectadas diferenças significativas para a fonte de variação ano (A) para todos os caracteres, exceto VA.

Somente para o caráter número de dias para a maturidade (NDM) foi detectada diferença significativa para a interação G x F. Já para a interação G x A foram observadas significâncias estatísticas para número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM) e peso de cem sementes (PCS). Para a interação GxFxA foram obtidas diferenças significativas para NDM e PCS, mostrando que as linhagens exibiram comportamento diferenciado nos diferentes ambientes (combinação entre anos e fungicidas). Com isso, fica evidente que os efeitos anos (A) e fungicidas (F) associados agiram para explicar as variações observadas. Estas interações significativas revelam a importância de estudos de dissimilaridade genética utilizando-se ambientes diferentes. Ressalta-se que somente as médias dos caracteres avaliados nas linhagens, considerando todos os experimentos (manejos FAS, DFC e combinação FAS + DFC) foram utilizadas, sendo desprezado o estudo da interação genótipos por ambientes, uma vez que a finalidade desta pesquisa é quantificar a divergência genética.

Também na Tabela 40, constata-se que os coeficientes de variação variaram entre 1,50% (NDM) e 23,16% (NSP). Para doze caracteres os CVs foram baixos, indicando que boa precisão experimental na condução do experimento (PIMENTEL-GOMES, 2009).

Tabela 40- Análises de variância conjuntas para 13 caracteres quantitativos avaliados em dois experimentos com manejo distintos de doenças: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) + manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo) com 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2012/13 e 2013/14, Piracicaba- SP

(continua)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]				
		NDF (dias)	APF (cm) [t]	NIF	NDM(dias)	APM (cm)
Conjuntos/fungicidas/Anos	92	4,097**	0,4126*	1,589	28,624**	164,133**
Genótipos (G)	481	27,753**	0,536**	1,511	51,451**	374,255**
Fungicidas (F)	1	199,998**	38,919**	0,048	2911,022**	15984,94**
Anos (A)	1	11431,739**	21,959**	145,032*	1963,883**	3011,361**
G x F	481	1,077	0,169	1,118	19,975**	80,416
G x A	481	2,021**	0,185	1,225	23,355**	103,487
G x F x A	480	1,179	0,159	1,059	23,280**	89,135
Resíduo	92	0,916	0,291	1,169	3,449	83,636
Média		48,504	56,522	11,418	123,580	81,187
CV(%)		1,97	7,26	9,47	1,50	11,26

Fontes de variação		Quadrado médio dos caracteres [a]				
	GL	AIV(cm) [t]	NIM	PG (g)	PGP (g) [t]	PCS (g)
Conjuntos/fungicidas/Anos	92	0,797**	4,096**	19226**	0,812	5,755**
Genótipos (G)	481	0,581*	6,292**	6236	0,645	4,349**
Fungicidas (F)	1	38,392**	13,31*	966559**	104,612**	2332,63**
Anos (A)	1	78,643**	2241,415**	8646747**	92,199**	1268,181**
G x F	481	0,445	2,314	4769	0,581	1,051
G x A	481	0,55	2,346	6361	0,607	1,887**
G x F x A	480	0,444	1,887	5105	0,567	1,215*
Resíduo	92	0,441	2,315	5464	0,636	0,,855
Média		22,353	14,350	370	12,351	15,499
CV(%)		13,99	10,60	19,68	22,81	5,97

* e **: significativo a 5 e 1%, respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP) e peso de cem sementes (PCS). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 40 - Análises de variância conjuntas para 13 caracteres quantitativos avaliados em dois experimentos com manejo distintos de doenças: manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) + manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo) com 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja em 2012/13 e 2013/14, Piracicaba- SP

(conclusão)

Fontes de variação	GL	Quadrado médio dos caracteres [a]		
		NSP [t1]	AC [t]	VA [t]
Conjuntos/fungicidas/anos	92	6,576*	0,125**	0,035*
Genótipos (G)	481	4,026	0,074*	0,024
Fungicidas (F)	1	216,413**	9,351**	0,012
Anos (A)	1	1461,856**	4,199**	0,023
G x F	481	3,701	0,035	0,016
G x A	481	4,003	0,041	0,020
G x F x A	480	3,697	0,036	0,018
Resíduo	92	4,179	0,051	0,031
Média		82,745	1,617	2,395
CV(%)		23,16	15,07	9,61

* e **: significativo a 5 e 1% respectivamente, pelo teste F. ( ) graus de liberdade para genótipo e linhagem. [a]Número de sementes por planta (NSP), número de vagens por planta (NVP), acamamento (AC) e valor agronômico (VA). [t]: dados transformados para $(X + 0,5)^{0,5}$. [t1]: dados transformados para $X^{0,5}$.

Na Tabela 41, nota-se que ao considerar simultaneamente os dados dos caracteres avaliados nos experimentos, combinação (FAS + DFC), nos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14, o agrupamento de Tocher permitiu a identificação de 15 grupos. O primeiro grupo foi constituído por 364 linhagens, correspondendo a 75,83%, o segundo maior grupo foi representado por 40 linhagens (8,33%), e as demais linhagens (15,83%) foram distribuídas em outros grupos. As testemunhas BRS 133 (480) e Monsoy 8001 (481) ficaram isoladas no grupo XI.

Ao comparar os três agrupamentos (manejo FAS, DFC e combinação FAS + DFC), verifica-se que houve semelhança na quantidade de grupos formados entre os agrupamentos com os dados dos experimentos com manejo FAS (26 grupos) e manejo DFC (25 grupos), separadamente. O agrupamento baseado na matriz de todos os experimentos (combinacão FAS + DFC) separou menos as linhagens (15 grupos). Nos agrupamentos com manejo FAS e manejo DFC houve a formação de um maior número de grupos (26 e 25 grupos, respectivamente) e com menores

distâncias que no agrupamento com a combinação FAS + DFC (15 grupos). Segundo Kamada (2009) uma menor variabilidade nos valores das distâncias genéticas tem como consequência a formação de maior número de grupos, e formação de grupos com menores distâncias. Isso pode ser confirmado ao se observar as distâncias médias intra e intergrupos para os três agrupamentos (Tabela 33, 38 e 42), com o agrupamento para os experimentos com manejos combinados (FAS + DFC) apresentando as maiores distâncias.

De acordo com a Tabela 41, a análise de agrupamentos permitiu identificar grupos semelhantes ao se comparar todos os agrupamentos, ou seja, foram formados os mesmos grupos tanto utilizando apenas os dados dos experimentos com manejo FAS ou somente os dados dos experimentos com manejo DFC ou ainda ao se considerar os dados obtidos nos quatros experimentos dos dois anos agrícolas (combinação FAS + DFC).

Foram observadas semelhanças quanto à formação dos grupos I, II e III. O grupo I do agrupamento com manejo FAS (Tabela 32), manejo DFC (Tabela 37) e manejos combinados (FAS + DFC, Tabela 41) foram semelhantes. No entanto, houve deslocamentos de algumas linhagens.

Ainda na Tabela 41, verifica-se que o grupo II foi constituído: a) pelas mesmas linhagens que constituíram o grupo III do agrupamento obtido com os dados dos experimentos com manejo FAS, exceto as linhagens USP 98-13.009-09 (409), USP 98-13.009-10 (410) e USP 98-13.009-20 (420); b) também, pelas mesmas linhagens que constituíram o grupo II do agrupamento com dados avaliados nos experimentos com manejo DFC, USP 04-18.092-06 (06), USP 05-17-12 (232), USP 98-13.009-10 (410) e USP 98-13.009-20 (420); c) outras linhagens que também foram alocadas neste grupo.

O grupo III reuniu as mesmas linhagens do grupo II do agrupamento obtido para os experimentos com manejo FAS e do grupo III do agrupamento para os experimentos com manejo DFC e, também, por outras linhagens que foram alocadas no grupo.

Tabela 41- Agrupamento obtido pelo método de otimização de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade da distância Euclidiana de 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) avaliadas nos experimentos combinando os manejos FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem), (FAS + DFC). Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

Grupos	Linhagens
I	163 480 177 162 176 371 378 307 382 470 318 314 114 315 311 379 313 310 438 186 398 113 101 174 165 304 164 468 383 333 242 337 161 168 196 376 478 479 187 328 236 245 25 130 175 301 179 473 256 183 462 178 173 23 112 123 427 286 248 435 22 330 390 227 306 326 253 319 27 384 252 375 294 119 182 250 195 452 316 295 303 317 138 299 122 322 243 467 395 258 254 226 129 336 181 169 192 312 391 244 369 425 469 193 247 246 428 197 363 429 436 373 324 281 461 34 338 166 257 259 104 198 142 282 421 335 329 367 465 447 133 387 453 370 451 35 399 460 222 14 380 33 448 444 434 13 309 393 91 99 389 135 325 106 237 443 446 331 445 39 433 439 365 185 334 361 302 305 124 298 423 362 459 249 454 11 120 345 81 190 321 180 36 340 38 107 284 102 86 228 292 296 422 136 117 239 15 475 392 477 221 105 432 377 241 463 69 251 118 223 293 172 170 28 424 255 100 189 97 10 288 199 167 24 342 437 64 234 426 111 430 156 171 21 455 225 19 344 30 121 95 289 381 450 152 158 110 141 96 332 72 346 154 31 308 366 385 297 132 231 139 260 18 94 323 194 471 374 88 283 32 368 472 149 137 205 200 364 103 115 347 400 327 68 372 5 155 238 440 87 287 300 98 84 357 291 464 431 349 339 67 61 144 285 78 83 143 4 92 125 126 159 151 341 140 388 85 66 230 240 62 127 9 29 109 160 128 153 397 1 7 8 145 77 20 26 449 229 188 191 131 49 80 3 16 348 74 150 351 466 37 79 157 350 290 108 212 457 63 359 458 396 394 90 89 65
II	216 217 209 207 208 215 213 214 211 219 204 203 202 218 414 206 419 401 408 406 418 404 416 403 411 402 413 412 417 45 224 235 405 407 415 76 47 220 201 2
III	268 269 271 265 266 264 272 263 276 277 279 278 261 274 267 354 343 270 71 280 116 356 355 474 352 70 353 262 386
IV	46 55 50 42 43 51 54 48 57 44 41 52 56 58 53 60 456
V	146 147 148 40 93 82
VI	481 482
VII	410 420 6 232 75
VIII	273 275
IX	134 320 17 233 12
X	184 442 441
XI	358 360 476
XII	73
XIII	409
XIV	59
XV	210

No grupo IV foram reunidas as mesmas linhagens que constituíram o grupo V do agrupamento realizado com os dados dos experimentos com manejo FAS e do grupo IV do agrupamento feito com os dados dos experimentos com manejo DFC e, também, por outras linhagens alocadas de outros grupos.

Também foram observados deslocamentos de linhagens em alguns grupos obtidos a partir dos dados com manejos combinados (FAS + DFC) em relação aos outros dois agrupamentos (manejos FAS e DFC, separadamente). Os demais grupos não apresentaram semelhanças, observando-se linhagens diferentes nos grupos. Os grupos XII, XIII, XIV e XV foram constituídos apenas pelas linhagens USP 04-18.111-13 (73), USP 98-13.009-09 (409), USP 04-17.027-19 (59) e USP 04-17.039-10 (210), respectivamente, sendo considerados os mais divergentes. As linhagens que ficaram isoladas nos agrupamentos com os manejos FAS e DFC, separadamente,foram alocadas para outros grupos. Essas diferentes formações de grupos indicam que as linhagens apresentaram respostas diferentes com as variações ambientais, fato que pode ser explicado pela presença das interações G x F, G x A e G x F x A para os caracteres avaliados. Realmente, a interação G x F x A apresentou-se significante para três dos caracteres avaliados em dois anos agrícolas.

Quando a análise de divergência é realizada com dados de experimentos avaliados em diferentes ambientes (locais, anos e épocas de cultivo), os efeitos significativos para a interação genótipos x ambientes podem levar a alterações nos agrupamentos dos genótipos (CARGNELUTTI FILHO; RIBEIRO; JOST 2009). Segundo estes autores, para uma maior precisão quanto à identificação de cruzamentos promissores, deve-se levar em consideração os efeitos da interação genótipos x ambientes, além da necessidade de realizar experimentos em vários ambientes, o que permite diferenciar os genótipos com base nos caracteres agromorfológicos e, consequentemente, a obtenção de variabilidade genética superior. Bosetti (2012) em estudo de divergência com base em caracteres agromorfológicos com arroz, também relatou que a interação genótipos x anos levou a alterações das respostas diferenciadas dos genótipos em diferentes condições ambientais, alterando a formação dos grupos.

Estudos envolvendo a análise de divergência em diferentes ambientes foram desenvolvidos por alguns autores. Hoogerheide (2009) avaliando a divergência genética de acessos de alho em diferentes ambientes, verificou que a interação

genótipos x ambientes alterou o número de grupos formados entre os acessos. Cargnelutti Filho, Ribeiro e Jost (2009) com objetivo de determinar o número necessário de ambientes para identificar cultivares de feijão divergentes por meio de agrupamento, observaram que o número de ambientes considerados nas análises levaram a diferentes agrupamentos. Peluzio et al. (2009) também quantificaram a divergência genética entre cultivares de soja quando avaliadas em quatro diferentes ambientes.

Ao se observar as matrizes de distâncias intragrupos e intergrupos obtidas para os agrupamentos com experimentos com os manejos FAS (Tabela 33) e DFC (Tabela 38) pode-se inferir que as mesmas foram semelhantes, ocorrendo variações devido à influência dos ambientes sobre as linhagens. Já ao compará-las com as distâncias intragrupos e intergrupos considerando-se todos os experimentos com os manejos combinados (FAS + DFC, Tabela 42), foi observado que para os agrupamentos utilizando os dados avaliados nos experimentos com manejo FAS ou manejo DFC, separadamente, foram obtidos menores índices de dissimilaridade entre as linhagens. Cruz, Regazzi e Carneiro (2004) sugerem que genótipos poucos dissimilares não sejam utilizados em cruzamentos, para que a variabilidade genética não seja reduzida e, consequentemente, evitando-se a obtenção de genótipos com caracteres indesejáveis.

Verifica-se na Tabela 42, que a maior distância intragrupos foi observada para o grupo XI (3,982), evidenciando que a variabilidade dentro deste grupo foi maior que nos demais grupos. O grupo VI (1,917) e VIII (2,075) foram os que apresentaram as menores distâncias intragrupos, demonstrando a existência de baixa diversidade dentro desses grupos.

Para esse agrupamento, manejo combinados (FAS + DFC), também foi observado que todas as distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos, estando de acordo com critério proposto pelo método de Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO 2012). Foi verificado que os grupos XII, XIII, XIV e XV foram constituídos por uma única linhagem, o que explica as estimativas nulas para as distâncias médias intragrupos.

Ainda na Tabela 42, constata-se que as distâncias máximas intergrupos foram observadas para os grupos I e VI (27,005), II e VI (27,483), III e VI (27,242), IV e VI (27,129), V e VI (26,527), VI e VII (27,397), VI e VIII (27,928), VI e IX (27,019), VI e X (27,508), VI e XI (26,823), VI e XII (27,800), VI e XIII (26,997), VI e XIV (27,345) e VI

e XV (27,357), representando as maiores divergências entre grupos. Este fato evidenciou que as melhores combinações podem ser obtidas a partir de cruzamentos entre as linhagens que compõem esses grupos. O grupo VI apresentou as maiores distâncias com os demais grupos citados, indicando ser o mais divergente entre os 15 agrupamentos formados.

Tabela 42 - Estimativas da Distância Euclidiana Média intra e intergrupos, referentes a 13 caracteres agromorfológicos avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) avaliadas nos experimentos combinando os manejos FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem), (FAS + DFC). Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII
I	**3,407**	5,434	5,551	7,217	4,753	27,005	6,219	9,044
II		**3,537**	6,402	5,193	5,993	27,483	5,196	9,164
III			**3,386**	5,749	5,118	27,242	5,763	5,196
IV				**3,564**	6,641	27,129	5,928	7,001
V					**3,421**	26,524	6,860	8,323
VI						**1,917**	27,397	27,928
VII							**3,548**	7,282
VIII								**2,075**

Grupos	IX	X	XI	XII	XIII	XIV	XV
I	4,766	5,055	6,149	8,156	6,946	7,181	7,205
II	6,271	5,311	7,463	7,1744	5,943	5,463	5,375
III	6,341	7,980	5,122	5,554	7,366	6,084	8,018
IV	7,646	7,870	7,423	5,826	6,727	4,459	5,984
V	6,572	6,158	6,252	8,183	6,691	7,396	7,442
VI	27,019	27,508	26,823	27,800	26,997	27,345	27,357
VII	6,614	7,227	5,618	4,652	6,270	5,383	7,998
VIII	9,186	11,586	6,028	4,503	9,419	7,453	10,157
IX	**3,676**	6,031	6,036	8,267	5,979	6,033	7,909
X		**3,605**	8,387	10,225	6,726	7,500	7,618
XI			**3,982**	5,625	6,517	6,592	8,967
XII				**0,000**	7,767	5,843	8,366
XIII					**0,000**	4,766	7,408
XIV						**0,000**	7,134
XV							**0,000**

Na Tabela 42, verifica-se que as menores distâncias intergrupos foram obtidas entre os grupos I e IX (4,766), VII e XII (4,652), VIII e XII (4,503), IV e XIV (4,459) e XIII e XIV (4,766).

Analisando os valores médios intragrupos obtidos para cada grupo, ordenados na Tabela 43, observou-se que os grupos I, II e III, constituídos por um maior número de linhagens, foram praticamente semelhantes quanto ao número de internódios no florescimento (NIF), altura de inserção da primeira vagem (AIV) e valor agronômico (VA). Os menores valores para altura da planta na maturidade (APM = 69,6 cm), número de internódios na maturidade (NIM = 12,3), peso de grãos (PG = 415,8 g) e acamamento (AC = 1,39) diferem o grupo I dos grupos II e III. O grupo II foi composto por linhagens com menores valores médios para o número de dias para o florescimento (NDF = 43,5 dias), peso de grãos da planta (PGP = 13,7 g), número de sementes por planta (NSP=82,4) e valor agronômico (VA=2,09), e maiores valores médios para APM (123,2 cm), NIM (17,5) e AC (3,90), diferindo este grupo dos grupos I e III. Já o grupo III foi composto por linhagens com maiores valores para NDF (52,8 dias), APF (69,1 cm), NDM (127,8 dias), PG (457,2 g), PGP (19,1 g) e NSP (153,3) e menor valor médio para o peso de cem sementes (PCS = 12,4 g).

No grupo IV foram reunidas as linhagens com maior valor médio intragrupo para altura da planta na maturidade (APM = 144,6 cm).

As linhagens que ficaram agrupadas no grupo VII apresentaram os menores valores de altura da planta na maturidade (APM = 66,5 cm) e número de internódios na maturidade (NIM = 12,5).

O grupo VIII foi constituído pelas linhagens com menores valores para a altura da planta no florescimento (APF = 40,8 cm), para número de internódios no florescimento (NIF = 9,0) e para o número de sementes por planta (NSP = 49,7).

A formação dos grupos é relevante na seleção dos genitores a serem utilizados nos cruzamentos, os quais podem ser planejados com base nas informações de dissimilaridades e no potencial per se dos genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os grupos com maiores distâncias entre si são mais dissimilares, com as linhagens reunidas nesses grupos sendo as mais promissoras para cruzamentos artificiais.

Tabela 43 - Valores médios intra grupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) avaliadas nos experimentos combinando os manejos FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem), (FAS + DFC). Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

(continua)

Grupos	NDF (dias)	APF (cm)	NIF	NDM (dias)	APM (cm)	AIV (cm)	NIM
I	44,9	50,0	11,0	121,6	69,6	19,9	12,3
II	43,5	55,1	10,9	121,2	123,2	22,7	17,5
III	52,8	69,1	12,0	127,8	92,9	20,2	14,14
IV	51,3	70,7	12,0	123,6	144,6	30,0	19,3
V	49,9	62,5	11,1	124,0	87,5	24,6	13,4
VI	45,1	55,5	10,4	121,8	118,5	15,5	17,2
VII	43,9	48,5	11,6	120,3	66,5	16,0	12,5
VIII	43,0	40,8	9,00	123,3	94,2	23,3	14,0
IX	48,8	60,0	12,0	126,5	82,5	15,8	14,5
X	55,5	91,2	13,2	133,2	111,2	20,0	15,8
XI	54,2	58,4	11,9	128,9	81,0	21,3	14,4
XII	50,0	67,5	13,0	122,5	135,0	15,0	19,0
XIII	44,0	52,5	11,5	120,5	127,5	15,0	19,0
XIV	51,0	60,0	11,5	124,5	132,5	20,0	20,5
XV	42,0	52,5	14,5	119,5	125,0	35,0	20,0

[a]Número de dias para o florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) e maturidade (APM), número de internódios no florescimento (NIF) e maturidade (NIM) e altura de inserção da primeira vagem (AIV).

Tabela 43 - Valores médios intra grupos obtidos pelo método de Tocher, referentes a 13 caracteres agromorfológicos[a] avaliados em 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) avaliadas nos experimentos combinando os manejos FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto ferrugem), (FAS + DFC). Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba – SP

(conclusão)

Grupos	PG (kg)	PGP (g)	PCS (g)	NSP	AC	VA
I	415,8	14,0	14,6	96,1	1,39	2,37
II	436,7	13,7	16,6	82,4	3,90	2,09
III	457,2	19,1	12,4	153,3	2,96	2,45
IV	413,3	18,0	15,7	105,4	4,85	2,03
V	465,0	14,5	15,2	86,3	1,58	3,33
VI	432,2	29,7	14,9	185,5	4,60	2,10
VII	355,2	15,0	14,2	109,9	2,20	2,20
VIII	432,3	9,1	18,1	49,7	1,67	2,33
IX	365,7	33,4	14,0	214,3	1,50	2,83
X	548,5	30,6	11,9	250,0	3,50	2,25
XI	356,0	12,7	15,7	86,0	1,42	2,83
XII	317,0	33,3	13,5	245,0	5,00	2,00
XIII	374,0	20,1	17,8	121,0	4,00	3,50
XIV	403,0	22,1	15,4	120,0	5,00	2,00
XV	425,0	10,7	18,4	61,0	3,00	2,00

[a]Produtividade de grãos (PG), peso de grãos da planta (PGP), número de sementes por planta (NSP) e número de vagens (NVP) da planta, acamamento (AC) e valor agronômico (VA).

Apesar desta análise de divergência ter sido realizada considerando quatro ambientes em dois anos agrícolas, seriam necessárias avaliações em mais ambientes para se obter melhores informações sobre a divergência genética para as linhagens em estudo. Cargnelutti Filho, Ribeiro e Jost (2009) sugeriram que o agrupamento de genótipos seja realizado com base em vários experimentos, envolvendo anos e épocas de cultivo, para se obter informações mais precisas da divergência genética. Esses autores sugeriram, para a análise de agrupamento por meio do método de Tocher, que seis experimentos são adequados para identificar cultivares divergentes de feijão comum. No entanto, para outras culturas, o número de experimentos necessários pode variar.

A Tabela 44 mostra que a distância Euclidiana Média permitiu quantificar a importância relativa dos caracteres nos três agrupamentos com experimentos dos manejos FAS, DFC e combinação FAS + DFC, respectivamente: número de sementes por planta com 64,989%, 62,649% e 64,955%; altura da planta na maturidade com 23,611%, 23,913% e 27,126% e altura da planta no florescimento com 5,063%, 7,890% e 3,806%; e, no total, as contribuições foram de 93,663% (FAS), 94,452% (DFC) e 95,887% (combinação FAS + DFC). Com isto, ficou evidenciada a existência de variabilidade genética significativa para esses caracteres entre as linhagens avaliadas, indicando viabilidade de se fazer a escolha dos genitores com base nesses caracteres. Resultados similares foram obtidos por Shadakshari et al. (2011), ao realizarem estudo sobre divergência genética em soja com base em caracteres morfológicos, em que o número de sementes por planta foi o que mais contribuiu para a divergência genética (40,24%). Em estudo de divergência genética em soja, realizado por Rigon et al. (2012), o peso de cem sementes foi o que mais contribuiu para a divergência genética, diferindo dos resultados obtidos nesse estudo.

A produtividade de grãos foi a que menos contribuiu para a variação total disponível, com valores muito baixos (0,0002%) nas três análises de agrupamentos. Isso pode ser consequência do processo intenso de seleção para esse caráter, praticada durante vários anos até a obtenção das 24 populações e depois das 480 linhagens (20 linhagens x 24 populações), formando a PG relativamente uniforme entre as linhagens. Resultados semelhantes foram obtidos por Santos et al. (2011); Santos et al. (2013), os quais relataram que a produtividade de grãos também foi o caráter que menos contribuiu para a dissimilaridade genética em soja.

Tabela 44 - Importância relativa de 13 caracteres quantitativos para estudo de divergência entre 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001) de soja, segundo critério de Sing (1981), Piracicaba - SP

Caracteres	Agrupamentos		
	Manejo FAS	Manejo DFC	Manejo FAS + DFC
Número de sementes da planta (NSP)	64,989	62,649	64,955
Altura da planta na maturidade (APM)	23,611	23,913	27,126
Altura da planta no florescimento (APF)	5,063	7,890	3,806
Altura da inserção da primeira vagem (AIV)	2,382	2,220	1,143
Peso de grãos da planta (PGP)	1,818	1,130	1,404
Número de dias para maturidade (NDM)	0,901	0,718	0,464
Número de dias para florescimento (NDF)	0,640	0,792	0,569
Número de internódios na maturidade (NIM)	0,292	0,318	0,281
Peso de cem sementes (PCS)	0,169	0,182	0,132
Acamamento (AC)	0,062	0,089	0,072
Número de internódios no florescimento (NIF)	0,060	0,081	0,040
Valor agronômico (VA)	0,013	0,018	0,008
Produtividade de grãos (PG)	0,0002	0,0002	0,0002

S.j: contribuição da variável x para o valor da distância Euclidiana Média entre os genótipos i e i'

De acordo com a Tabela 45, os coeficientes de correlação entre a matriz de distâncias Euclidiana Média obtidas a partir dos dados avaliados nos experimentos com manejos combinados (FAS + DFC, matriz 3), nos dois anos agrícolas, mostraram-se altos e significativos, tanto com a matriz obtida com os dados avaliados nos experimentos com manejo FAS (matriz 1), quanto com a matriz obtida com os dados avaliados nos experimentos com manejo DFC (matriz 2), explicando a concordância entre os agrupamentos para muitos grupos. Isso sugere que quando se considera o agrupamento com os manejos combinados (FAS + DFC), ao mesmo tempo, o agrupamento é mais plausível, demonstrando concisão da dissimilaridade entre as linhagens. Portanto, esta análise de agrupamento foi eficiente para identificar as linhagens divergentes, apesar dos experimentos serem conduzidos com diferentes manejos de doenças (FAS + DFC), não sendo observadas alterações bruscas na formação dos grupos.

Tabela 45 - Coeficientes de correlação entre as três matrizes de distâncias Euclidianas entre 480 linhagens e duas testemunhas (BRS 133 e Monsoy 8001), avaliadas em quatro experimentos com manejos de doenças com fungicidas (FAS, DFC e combinação FAS + DFC). Soja, 2012/13 e 2013/14, Piracicaba - SP

Experimentos para obtenção da distância Euclidiana	Matriz 1 (FAS)	Matriz 2 (DFC)	Matriz 3 (FAS + DFC)
Matriz 1 (FAS)	-	0,572**	0,707**
Matriz 2 (DFC)		-	0,661**
Matriz 3 (FAS + DFC)			-

[1]matriz 1 e 2: obtida com os experimentos com manejo FAS (controle da ferrugem e outras doenças de fim de ciclo) e manejo DFC (controle de doenças de fim de ciclo, exceto a ferrugem), respectivamente, em 2012/13 e 2013/14; matriz 3: obtida com todos os experimentos, combinação de manejos (FAS + DFC), em 2012/13 e 2013/14). * e **: significativo a 5 e 1%de probabilidade.

Diante dos resultados obtidos, depreende-se que as linhagens dos agrupamentos que apresentaram os maiores valores de distância intergrupos são os mais adequadas para serem utilizadas no planejamento de futuros cruzamentos. Além disso, foi constatada a existência de variabilidade genética entre as linhagens e que as mesmas apresentaram caracteres agronômicos desejáveis. Portanto, para aumentar as chances de se obter novos genótipos com desempenhos superiores, devem ser priorizados cruzamentos entre linhagens mais divergentes e que possuam também desempenhos agronômicos per se satisfatórios.

Estudos sobre análise de divergência genética para genótipos de soja, avaliados por meio de caracteres agronômicos, utilizando o método de otimização de Tocher foram realizados por vários autores (ALMEIDA et al., 2011; PELUZIO et al., 2012, 2014; RIGON et al., 2012; SANTOS et al., 2013; SHADAKSHARI et al., 2011;). Em todos esses trabalhos o método de Tocher foi eficiente para detectar a dissimilaridade entre os genótipos.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nos programas de melhoramento de soja tem-se como objetivo geral o desenvolvimento de novos genótipos com alta produtividade, resistência a pragas e doenças, adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos nas diferentes regiões de cultivo. Nestes programas, a escolha de genitores é considerada como uma das várias etapas relevantes, pois, é por meio de cruzamentos manuais entre os genitores eleitos que se obtém maior variabilidade genética, auxiliando na seleção de populações segregantes para vários caracteres.

A caracterização agromorfológica das 24 populações de soja foi realizada com os experimentos conduzidos durante o ano agrícola 2011/12, no qual foram avaliados 20 caracteres, sendo cinco qualitativos e os demais quantitativos. Diante dos resultados obtidos verificou-se a existência de variabilidade genética para 19 caracteres. O único caráter que se mostrou uniforme foi a cor do tegumento, pois a cor amarela do tegumento é padronizada no mercado de soja tipo grão ou “commodity”.

Para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o método de Eberhart e Russel (1966) e o método AMMI. A metodologia de Eberhart e Russel (1966) destacou nove das 24 populações avaliadas com ampla adaptabilidade, alta estabilidade e alto potencial produtivo. Os maiores destaques foram apresentados pelas populações USP 10-10 (P2), USP 02.16-051 (P9), USP 04.17-039 (P11), USP 05-17 (P12), USP 10-24 (P15), USP 11-12 (P22) e USP 02.16-179 (P24), as quais aliaram médias relativamente altas para produtividade de grãos, ampla adaptabilidade e alta estabilidade; As populações USP 04.17-011 (P17) e USP 02-16.140 (P19) apresentaram adaptação aos ambientes favoráveis; já a população USP 04-18.069 (P7) apresentou adaptação específica aos ambientes desfavoráveis. Pela metodologia AMMI, a soma de quadrados da interação genótipos x ambientes (SQ_{GxE}) foi descomposta em 15 componentes principais, sendo que os três primeiros capturaram uma proporção acumulada de 61,20% da proporção padrão e foi possível identificar populações com potencial produtivo; destacaram-se as populações USP 10-10 (P2), USP 02.16.045 (P10), USP 04.17-039 (P11) e USP 02.16-179 (P24) com produtividades relativamente altas e ampla adaptabilidade aos ambientes avaliados. A análise de AMMI mostrou que há

diferenças tanto entre locais quanto anos agrícolas, mas os locais foram mais relevantes para a interação G x E, em termos de produtividade de grãos.

A análise de divergência foi realizada com os experimentos conduzidos durante os anos agrícolas 2012/13 e 2013/14. As linhagens utilizadas nesses anos agrícolas foram selecionadas das 24 populações analisadas até o ano anterior (2011/12). Para estimar a divergência genética em linhagens de soja, por meio de caracteres agromorfológicos, foi utilizada a distância Euclidiana Média e o método de Tocher. Foram realizados três agrupamentos distintos com base em experimentos com dois tipos de manejo com aplicações de fungicidas diferentes para controle de todas as doenças fúngicas de fim de ciclo, incluindo-se a ferrugem asiática (manejo FAS) e não incluindo o controle da ferrugem (manejo DFC), combinando-se os dados destes experimentos da seguinte maneira: a) somente manejo FAS; b) somente manejo DFC; c) manejos FAS e DFC combinados. Os resultados obtidos indicaram que as linhagens apresentaram diversidade genética, possibilitando a seleção de novos genótipos com caracteres desejáveis e favoráveis. O método de agrupamento de Tocher detectou divergência genética entre as populações com adequada identificação de grupos. Como foram realizados agrupamentos a partir de dados provenientes de diferentes experimentos (manejos FAS, DFC e FAS + DFC), foram obtidos diferentes padrões de agrupamentos. Os agrupamentos para os experimentos com manejos FAS e DFC separados mostraram consistência com o agrupamento obtido com os experimentos com manejos combinados (FAS + manejo DFC), conforme foi evidenciado pelo coeficiente de correlação alto e significativo entre as matrizes de distâncias envolvidas nos três agrupamentos. O agrupamento realizado com base nas médias dos experimentos dos dois manejos combinados (FAS + DFC) levou à formação de um menor número de grupos; no entanto, houve uma maior variação na amplitude das distâncias genéticas. Nos três agrupamentos foi observada a formação de grupos constituídos com linhagens similares, estando de acordo com o alto e significativo coeficiente de correlação observado entre as matrizes de distância para as três alternativas de combinações dos experimentos com manejos. Apesar do alto coeficiente de correlação, ainda foram observadas mudanças de linhagens em alguns grupos, o que pode ser explicado pela presença da interação genótipos x anos para três caracteres em dois anos agrícolas, a qual pode ter influenciado o comportamento dos genótipos e alterado a formação dos grupos na análise de divergência. Dessa forma, ainda que tenham sido realizados

agrupamentos com dados avaliados em quatro experimentos, em dois anos agrícolas, certamente um maior número de experimentos permitiria um melhor reconhecimento da diversidade entre as linhagens e, consequentemente, melhor precisão nas combinações híbridas possíveis de serem obtidas.

6 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nesta pesquisa permitiram as seguintes conclusões:

6.1 Para caracterização agromorfológica das populações:

6.1.1 Somente o caráter cor de tegumento mostrou-se uniforme (cor amarela). Todos os demais 19 caracteres exibiram variabilidade genética, incluindo-se a taxa de reação à ferrugem estimada a partir da produtividade de grãos e do tamanho das sementes (representado pelo peso de cem sementes).

6.2 Para a interação entre genótipos e ambientes:

6.2.1 As fontes de variação locais e fungicidas (manejos) contribuíram de forma significativa para as diferenças nos desempenhos dos genótipos para a produtividade de grãos;

6.3 Para a estabilidade e adaptabilidade pelo método de Eberhart e Russel (1966) e pelo método AMMI:

6.3.1 Ambas as metodologias identificaram populações com médias altas de produtividade de grãos, estáveis e bem adaptadas aos ambientes em estudo.

6.3.2 A análise de AMMI evidenciou que as diferenças entre locais foram mais importantes para explicar, a interação entre genótipos e ambientes;

6.4 Para divergência genética entre linhagens:

6.4.1 As linhagens apresentaram divergência genética e a formação de grupos viabilizou a possibilidade de se selecionar novos genótipos.

6.4.2 O agrupamento das linhagens baseado na reunião dos dois manejos de doenças com fungicidas (FAS + DFC) foi o mais consistente e conciso sobre a dissimilaridade entre as linhagens, conforme evidenciado pela obtenção de coeficientes de correlação altos e significativos entre as matrizes de distâncias.

6.4.3 Os caracteres agronômicos número de sementes por planta, altura da planta na maturidade e altura da planta no florescimento destacaram-se em relação à contribuição relativa nos três agrupamentos para explicar a divergência genética.

REFERÊNCIAS

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

ALMEIDA, F.A.; BRUSCKE, E.L.; POLIZEL, A.C.; PETTER, F.A.; HAMAWAKI, O.T.; ALCÂNTARA NETO, F. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Ciências Agrárias,** Belém, v.56, n.2, p.88-94, 2013.

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. In: QUEIROZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro.** Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 1999. Disponível: <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/sojamelhoramento.pdf>. Acesso em: 15 mar. 2012.

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

ANDRADE, V.T.; REZENDE, J.C. de; BOTELHO, C.E.; CARVALHO, R.G.; GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, A.M. de. Interação genótipo x ambiente em genótipos de cafeeiro Mundo novo por modelos não lineares e multiplicativos. **Bragantia,** Campinas, v. 72, n. 4, p. 338-345, 2013.

ARAÚJO, L.B. de; NUALLES, M.V.; ARAÚJO, M.F.C.; DIAS, C.T.S. Gráficos *biplot* e *joint plot* para o estudo da interação tripla. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 40, n. 4,p. 833-839, 2010.

ARAÚJO, M.M. de. **Caracterização e seleção de linhagens de soja resistentes ou tolerantes à ferrugem asiática.** 2009. 77 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

ARAÚJO, M.M.; VELLO, N.A. Characterization of soybean genotypes for Asian soybean rust reaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Viçosa, v.10, p. 197-203, 2010.

ASCENCIO-LUCIANO, G.; MALDONADO-MORENO, N.; GARCIA-OLIVARES, J.G.; GILL-LANGARICA, H.R. AMMI and sequential path analyses of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] experimental lines in a breeding program in the Mexican tropics. **Australian Journal of Crop Science**, Lismore, v. 7, n. 11, p. 1772-1779, 2013.

BARBIERI, R.L.; LEITE, D.L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 35, p. 303-306, 2005.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja, no Estado de Mato Grosso. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 25, n. 3, p.119-128, 2009.

BARTLETT, M.S. Properties of sufficiency and statistical testes. **Proceedings of the Royal Statistical Society. Series A,** London, v. 160, n. 901,p. 268-282, 1937.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.; ASSMANN, I.C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P.J.; MARCHIORO, V.V.; LORENCETTI, C.; SILVA, J.A.G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 8, p.179-184, 2002.

BOLDT, A.S. **Diversidade genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja no Mato Grosso**. 2011. 204 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federa de Viçosa, Viçosa, 2011.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Interação genótipo x ambiente. In: _____. (Ed.). **Melhoramento de plantas**. 6.ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. cap. 9, p. 131-144.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2009. p. 514-536.

BORDIGNON, A.J.Z.; VELLO, N.A.; NAZATO, F.M.; POLO, L. Regressão linear múltipla com ênfase na produtividade e seus componentes em soja transgênica. In. SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DAUNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, 23., 2015, Piracicaba. **Resumo...** São Paulo: USP, 2015.

BOSETTI, F. **Diversidade genética em germoplasma de arroz japonês utilizando marcadores moleculares e agromorfológicos**. 2012. 183 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

BRASIL. Leis, decretos, etc. Decreto-lei 9.456 de 28 de abril de 1997. Lei de proteção de cultivares. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, 28 de abr. 1997. Seção 1, p. 79.

BUENO, L.G.; VIANELLO, R.P.; RANGEL, P.H.N.; UTUMI, M.M.; CORDEIRO, A.C.C.; PEREIRA, J.A.; FRANCO, D.F.; MORA NETO, F.; MENDONÇA, J.P. de; COELHO, A.S.G.; OLIVEIRA, J.P. de; BRONDANI, C. Adaptabilidade e estabilidade de acessos de uma coleção nuclear de arroz. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 47, n. 2, p. 216-226, 2012.

BOX, G. E. P.; COX, D. R. An analysis of transformations. **Journal of the Royal Society**, London, v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964.

BURLE, M.L.; OLIVEIRA, M.S.P. **Manual de curadores de germoplasma – vegetal:** caracterização morfológica. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2010. 15 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Documentos, 312; Documentos, Embrapa Amazônia Oriental, 378).

CÂMARA, G.M.S. **Soja:** tecnologia da produção. Piracicaba: Publique, 1998. 293 p.

CÂMARA, G.M.S.; PIEDADE, S.M.S.; MONTEIRO, J.H.; GUERZONI, R.A. Desempenho vegetativo e reprodutivo de cultivares e linhagens de soja de ciclo precoce no município de Piracicaba – SP. **Scientia Agricola,** Piracicaba, v. 55, p. 403-412, 1998.

CAMPOS, M.F.; ONO, E.O.; RODRIGUES, J.D. Soybean plants architeture and plant growth regulators application. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia,** Guarapuava, v. 3, p. 153-159, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; JOST, E. Número necessário de experimentos para a análise de agrupamento de cultivares de feijão. **Ciência Rural,** Santa Maria, v.39, n.2, p. 371-378, 2009.

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A. de; KIIHL, R.A.S.; OLIVEIRA, M.F.; HIROMOTO, D.M.; TAKEDA, C. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CASAS-LEAL, N.E. **Adaptabilidade e estabilidade de progênies de soja tipo hortaliças nos estádios R_6 e R_8 em gerações avançadas de endogamia**. 2015. 176 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

CAVALCANTE, A.K.; HAMAWAKI, O.T.; HAMAWAKI, R.L.; SOUSA, L.B.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, C.D.L. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja em Porto Alegre do norte, MT. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 30, n. 4, p. 942-949, 2014.

CAVASSIM, J.E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ALLIPRANDINI, L.F.; OLIVEIRA, R.A. de; DAROS, E.; GUERRA, E.P. Stability of soybean genotypes and their classification into relative maturity groups in Brazil. **American Journal of Plant Sciences,** Delaware, v. 4, p. 2060-2069, 2013.

CHIORATO, A. F. **Divergência genética de acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do banco de germoplasma do Instituto Agronômico-IAC**. 2004.85 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Instituto Agronômico, Campinas, 2004.

CHUNG, G.; SINGH, R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences,** London, v. 27, p. 295-341, 2008.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – décimo levantamento. **Boletim Grãos,** Brasília, v.2, n.10, 2015**.** 100 p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_07_09_08_59_32_boletim_graos_abril_2015.pdf>. Acesso em: 12jul. 2015.

COSTA, M.M.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants.** 2nded. New York: Botanical Garden, 1988. 555p.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 579p.

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

_____. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária. 2012. v. 1, 514 p.

CUNHA, F.A.G.; HAMAWAKI, O.T.; ESPINDOLA, S.M.C.G.; CAVALCANTE, A.K.; BISINOTO, F.F.; FERREIRA JR., J.A.; GUERRA, E.C. Estabilidade de produção em genótipos de soja de ciclo precoce em Uberaba-MG. **FAZU em Revista,** Uberaba, n.7, p.55-62, 2010.

DALCHIAVON, F.C.; CARVALHO, M.P. Correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade de soja. **Ciências Agrárias,** Londrina, v.33, n. 2, p. 541-552, 2012.

DELLAGOSTINI, M.; HENNING, F.A.; MERTZ, L.M.; KOPP, M.M.; CRSTANI, M.; SCHUSTER, I.; ZIMMER, P.D. Dissimilaridade genética em populações segregantes de soja com variabilidade para caracteres morfológicos de semente. **Revista Brasileira de Sementes,** Londrina, v.33, n. 4, p. 661-700, 2011.

DEMARCHI, M. **Análise da conjuntura agropecuária:**soja. Curitiba: Secretaria da Agricultura e do Abastecimento, Departamento de Economia Rural, 2011. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/soja_2011_12.pdf>. Acesso em: 10 dez. 2014.

DIAS, F.T.C.; PITOMBEIRA, J.B.; TEÓFILO, E.M.; BARBOSA, F.S. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o caráter rendimento de grãos em cultivares de soja para o Estado do Ceará. **Ciência Agronômica,** Fortaleza, v. 40, n. 1, p.129-134, 2009.

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y.; CASTRO, G.C.T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotrópica,** Ilhéus, v.9, p. 29-40, 1997.

DINIZ, R.M.G; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; SOUSA, L.B. de; CASTRO, L.H.S. e. Comportamento agronômico de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia Biosfera,** Goiânia, v. 10, n. 18, p. 973-982, 2014.

DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise AMMI. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monográfica, 9).

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science,** Madison, v.6, n.1, p.36-40, 1966.

EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de produção de soja:** Região Central do Brasil 2012 e 2013. Londrina: Embrapa Soja, 2011, n. 15, 261p.

FARIA, P.N. **Utilização de técnicas multivariadas na análise da divergência genética via modelo AMMI com reamostragem "bootstrap"**. 2012. 128 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de "Agricultura Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

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

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977.12 p. (Special Report, 80).

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

FREIRE, M.S.; MORALES, E.A.V.; BATISTA, M.F. Diversidade genética. In: VIEIRA, N.R.A.; SANTOS, A.B.; SANT"ANA, E.P. **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. p.559-581.

GAUCH JUNIOR, H.G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics,** Washington, v. 44, p. 705-715, 1988.

GAUCH JUNIOR, H.G.; ZOBEL, R.W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M.S.; GAUCH JUNIOR, H.G. (Ed.). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. chap. 4, p.85-122.

GAUCH JUNIOR, H.G.; PIEPHO, H.P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science,** Madison, v. 48, p. 866-889, 2008.

GOMES, D.M. **Variabilidade fenotípica de caracteres vegetativos e reprodutivos em população de pupunheira (*Bactris gasipaes Kunth*)**. 2007. 72 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

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

GRUNVALD, A.K.; CARVALHO, C.G.P. de; OLIVEIRA, A.C.B. de; ANDRADE, C.A.B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná. **Ciência e Agrotecnologia,** Lavras, v. 33, n. 5, p. 1195-1204, 2009.

GURMU, F.; MOHAMMED, H.; ALEMAW, G. Genotype x environment interactions and stability of soybean for grain yield and nutrition quality. **African Crop Science Journal,** Grahamstow, v. 17, n. 2, p. 87-99, 2009.

GUIMARÃES, F.S; REZENDE, P.M.; CASTRO, E.M.; CARVALHO, E.A.; ANDRADE, M.J.B.; CARVALHO, E.R. Cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] para cultivo de verão na região de Lavras-MG. **Ciência e Agrotecnologia,** Lavras, v. 32, n. 4, p. 1099-1106, 2008.

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

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Brazilian Journal of Genetics,** Ribeirão Preto, v. 2, p. 295-306, 1986.

HOOGERHEIDE, E.S.S. **Divergência genética entre acessos de alho avaliados em ambientes distintos baseada em variáveis quantitativa e qualitativas**. 2009. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de “Agricultura Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

HOOGERHEIDE, E.S.S.; FARIAS, F.J.C.; VENCOVSKY, R.; FREIRE, E.C. Estabilidade fenotípica de genótipos de algodoeiro no Estado de Mato Grosso. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 42, n. 5, p. 695-698, 2007.

IQBAL, Z.; ARSHAD, M.; ASHRAF, M.;MALIK, M.F.; WAHEED, A. Genetic divergence and correlation studies of soybean [*Glycine Max* (L.) Merril] genotypes. **Pakistan Journal of Botany,** Karachi, v. 42, n. 2, p. 971-976, 2010.

KAMADA, T.; PICOLI, E.A.T.; ALFENAS, A.C.; CRUZ, C.D.; VIEIRA, R.V.; OTONI, W.C. Diversidade genética de populações naturais de *Pfaffia glomerata* (Spreng.) Pedersen estimada por marcadores RAPD. **Acta Scientiarum Agronomy,** Maringá, v. 31, n. 3, p. 403-409, 2009.

MAIA, M.C.C.; VELLO, N.A.; ROCHA, M.M.; PINHEIRO, J.B.; SILVA JÚNIOR, N.F. da. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia,** Campinas, v.65, n.2, p.215-226, 2006.

MALEK, M.A.; RAFII, M.Y.; AFROZ, M.S.S.; NATH, U.K.; MONDAL, M.M.A. Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association, and divergence in soybean mutants. **Scientific World Journal,** New York, v. 2014, p. 1-12, 2014.

MANLY, B.J.M. **Métodos estatísticos multivariados**: uma introdução. Tradução S.L. Carmona. 3.ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229 p.

MARQUES, M.C. **Performance de cruzamentos entre genitores tolerantes à ferrugem asiática da soja**. 2014. 110 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.

MARQUES, M.C.; HAMAWAKI, O.T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M.R.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; NOGUEIRA, A.P.O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v.27, n.1,p. 59-69, 2011.

MAUAD, M.S.; BORTOLOZE, T.L.; ALMEIDA NETO, A.I.; GOMES, V. Influência da densidade de semeadura sobre características agronômica na cultura de soja. **Revista Agrarium,** Dourados, v.3, n.9, p. 175-181, 2010.

MEDEIROS, A.G. **Parâmetros genéticos e potencial agronômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática**. 2009. 157 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MELO, L.F. de. **Divergência genética em subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus l.*) por meio de marcadores agromorfológicos e microssatélites**. 2011. 90 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2011.

MENEZES, N.L.; GARCIA, D.C.; RUBIN, S.A.L.; BERNARDI, G.E. Caracterização de vagens e sementes de soja. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 27, n. 3, p. 387-391, 1997.

MILES, M.R.; LEVY, C.; MOREL, W.; MULLER, T.; STEINLAGE, T.; RIJ, N. van; FREDERICK, R.D.; HARTMAN, G.L. International fungicide efficacy trials for the management of soybean rust. **Plant Disease,** Ames, v.91, n.11, p. 1450-1458, 2007.

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

MOE, S.; GIRDTHAI, T. Relationships of soybeans [*Glycine Max* (L.) Merril] acessions based on phisiological and agro-morfological traits. **Internacional Journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences,** Dschang, v.1, n. 2, p.375-379, 2013.

MORAIS, L.K. de; PINHEIRO, J.B.; MOURA, M.F.; AGUIAR, A.V.; DUARTE, J.B.; CARBONELL, S.A.M.; ZUCCHI. M.I.; MOURA, N.F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura utilizando a metodologia AMMI. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 19, n. 1, p. 7-14, 2003.

MUNDSTOCK, C.M.; THOMAS, A.L. **Soja:** fatores que afetam o crescimentos e o rendimento de grãos. Porto Alegre: UFRGS, Departamento de Plantas de Lavoura; Evangraf, 2005. 31p.

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

NAZATO, F.M. **Análise da tolerância à ferrugem asiática em dialelo parcial com genitores transgênicos e convencionais de soja**. 2014. 136 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.

NEVES, J.A. **Desempenho agronômico de genótipos de soja sob condições de baixa latitude em Teresina-PI**. 2011. 94 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2011.

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; REIS, M.S.; PEREIRA, D.G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 38, n. 9, p. 2427-2433, 2008.

OLIVEIRA, A.B. de; DUARTE, J.B.; PINHEIRO, J.B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, 2003.

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. **Ciência Agronômica,** Fortaleza, v. 41, p. 427-434, 2010.

PELUZIO, J.M.; LOPES, L.A.; CARVALHO, E.V. de; AFFÉRI, F.S.; DOTTO, M.A. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista de Ciências Agrárias,** Recife, v. 57,n. 1, p. 1-8, 2014.

PELUZIO, J.M.; FIDELIS, R.R.; ALMEIDA, J.D.; BARBOSA, V.S.; RICHTER, L.H.M.; AFERRI, F.S. Desempenho de cultivares de soja, em duas épocas de semeadura, no sul do Estado de Tocantins. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 22, n. 2, p. 69-74, 2006.

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

PELUZIO, J.M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRRI, F.S.; SILVA, R.R.; BARROS, H.B.; NASCIMENTO, I.R.; FIDELIS, R.R. Genetic variability among soybean cultivars, under different edaphoclimatic conditions, in Center south region of the state of Tocantins. **Applied Research & Agrotecnology,** Londrina, v.2, n.3, p. 31-39, 2009.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 44, n. 1, p. 29-37, 2009.

PERIC, V.; NIKOLIĆ, A.; BABIĆ, V.; SUDARIĆ, A.; SREBRIĆ, M.; ĐORĐEVIĆ, V.; MLADENOVIĆDRINIĆ, S. Genetic relatedness of soybean genotypes based on agromorphological traits and RAPD markers. **Genetika,** Zemun, v. 46, n.3, p. 839-854, 2014.

PERINI, L.J. **Caracterização agronômica e seleção de linhagens de soja destinadas ao consumo humano.** 2012. 78 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2012.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Nobel, 2009. 451p.

PIRES, L.P.M.; PELUZIO, J.M.; CANCELLIER, L.L.; RIBEIRO, G.R.; COLOMBO, G.A.; AFFÉRI, F.S. Desempenho de genótipos de soja, cultivados na região Centro-Sul do Estado do Tocantins, safra 2009/10. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v.28, n.2, p.214-223, 2012.

POLIZEL, A.C.; JULIATTI, F.C.; HAMAWAKI, O.T.; HAMAWAKI, R.L.; GUIMARÃES, S.L. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja no estado do Mato Grosso. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 29, n.4, p. 910-920. 2013.

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

PRIOLLI, R.H.G.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology,** Curitiba, v. 53, n. 3, p. 519-531, 2010.

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

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; SOUSA, S.M.B.; SOUSA, N.E.A.; CONTEL, E.P.B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de.(Org.). Análise de grupos de experimentos: análise conjunta. In: _____. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005. cap. 8, p. 113-133.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, J.A.R. (Org.). A interação genótipos por ambientes. In: _____. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.** Lavras: UFLA, 2012. cap. 13, p. 365-456.

REIS, E.F. dos. **Controle químico da ferrugem asiática da soja na região Sul do Paraná**. 2005. 41 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2005.

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

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

ROCHA, M.M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica.** 2002. 173 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

ROCHA, M.M.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A.; MAIA, M.C.C. Yield stability of soybean lines using additive main effects and multiplicative interaction analysis – AMMI. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Viçosa, v. 4, p. 391-398, 2004.

_____. Estabilidade e adaptabilidade produtiva em linhagens de soja de ciclo médio. **Revista Ceres,** Viçosa, v. 56, n.6, p. 764-771, 2009.

ROCHA, M.M.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; CARVALHO, H.W.L. de; BELARMINO FILHO, J.; RAPOSO, J.A.A.; ALCÂNTARA, J.P.; RAMOS, S.R.R.; MACHADO, C.F. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 42, n. 9, p. 1283-1289, 2007.

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

ROCHA, V.P.C.; MODA-CIRINO, V.; DESTRO, D.; FONSECA JÚNIOR, N.S.; PRETE, C.E.C. Adaptabilidade e estabilidade da característica produtividade de grãos dos grupos comerciais carioca e preto de feijão. **Semina: Ciências Agrárias,** Londrina, v. 31, n. 1, p. 39-54, 2010.

RODRIGUES, I.S.; MIRANDA, F.D. de; FERREIRA, A.; BORGES, L.L.; FERREIRA, M.F.S.; GOOG-GOD, P.I.; PIOVESAN, N.D.; BARROS, E.G. de; CRUZ, C.D.; MOREIRA, M.A. Mapeamento de QTL para conteúdos de proteína e óleo de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 5, p. 472-480, 2010.

RODRIGUES, L.R.F.; ANDO, A. Caracterização e avaliação de três grupos de arroz-de-sequeiro de diferentes procedências por meio da sensitividade à radiação gama. **Bragantia,** Campinas, v. 61, n. 1, p. 17-23, 2002.

ROSSINI, M.; IRIGON, C.; LISAKOVSKI, D.; KRZYZANOWSKI, F.C.; VERNETTI, F.J. Caracterização de 26 cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merril] recomendadas para a região sul-Brasil. **Revista Brasileira de Sementes,** Londrina, v. 17, n. 2, p.227-235, 1995.

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

SANTOS, E.R. dos; BARROS, H.B.; CAPONE, A.; MELO, A.V.; CELLA, A.J.S.; SANTOS, W.R. dos. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Ciências Agrárias,** Recife, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012.

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

SANTOS, E.R. dos; SANTOS, A.F. dos; CAPONE, A.; SANTOS, W.R. dos; MOURA, S.G.; BARROS, H.B. Genetic dissimilarity between soybean genotypes cultivated in lowland and irrigated inter-cropping. **Journal of Biotechnology and Biodiversity,** Gurupi, v.4, n.3, p. 222-231, 2013.

SAS INSTITUTE. **SAS– Statistical Analysis System:** user´s guide. Cary, 1996. 842p.

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. (Org.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009. 314p.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da soja**: primeira parte. Viçosa: UFV, 1985. 96p.

SELESTRINO, P.R.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; SILVA, F.M. da; PEREIRA, E.M.; VAL, B.H.P. Performance agronômica de genótipos de soja destinados a áreas de reforma canavial. **Ciência e Tecnologia,** Jaboticabal, v.6, n.1, p. 59-72, 2014.

SHADAKSHARI, T.V.; KALAIMAGAL, T.; SENTHIL, N.; BORANAYAKA, M.B.; GOWDA, R.K.; RAJESHA, G. Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. **Asian Journal of Bio Science,** Muzaffarnagar, v. 6, p. 7-11, 2011.

SHAPIRO, S.S.; WILK, M.B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometria,** Cambridge, v. 52, n.3/4 p. 591-611, 1965.

SILVA, L.A.S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. 2008. 170 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SILVA, R.R.; BENIN, G.; SILVA, G.O. da; MARCHIORO, V.S.; ALMEIDA, J.L. de; MATEI, G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 46, n.11, p. 1439-1447, 2011.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding,** New Delhi, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

SOUSA, L.B. de; CAVALCANTE, A.K.; HAMAWAKI, O.T.; ROMANATO, F.N.; HAMAWAKI, C.D.L. Avaliação de linhagens de soja em ensaio final do processo de melhoramento. **Nucleus,** Ituverava, v.7, n.2, p.165-172, 2010.

SOUZA, C.A.; FIGUEIREDO, B.P.; COELHO, C.M.M.; CASA, R.T.; SANGOI, L. Arquitetura de plantas e produtividade da soja decorrente do uso de redutores de crescimento. **Bioscience Journal,** Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 634-643, 2013.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira,** Brasília, v. 23, p. 22-27, 2005.

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

TUKAMUHABWA, P.; OLOKA, H.K.; SENGOOBA, T.; KABAYI, P. Yield stability of rust-resistant soybean lines at four mid-altitude tropical locations. **Euphytica,** Wageningen, v. 183, p. 1-10, 2012.

UNÊDA-TREVISOLI, S.H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja.** 1999. 228 p.Tese (Doutorado em

Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

UNFRIED, J.R. **Estratégias para seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem e associações com outras doenças**. 2007. 220 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

VALADÃO JÚNIOR, D.D.; BERGAMIN, A.C.; VENTUROSO, L.R.; SCHLINDWEIN, J.A.; CARON, B.O.; SCHMIDT, D. Adubação fosfatada na cultura da soja em Rondônia. **Scientia Agraria,** Curitiba, v. 9, n. 3, p. 369-375, 2008.

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

VASCONCELOS, E.S. de; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T.; SCAPIM, C.A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos semitardios e tardios no Estado de Minas Gerais. **Acta Scientiarum Agronomy,** Maringá, v. 32, n. 3, p. 441-415, 2010.

VASCONCELOS, I.M.; CAMPELLO, C.C.; OLIVEIRA, J.T.A.; CARVALHO, A.F.U.; SOUSA, D.O.B.; MAIA, F.M.M. Brazilian soybean *Glycine max* (L.) Merrill: cultivars adapted to low latitude regions: seed composition and content of bioactive proteins. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 29, n. 4, p. 617-625. 2006.

VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ/USP. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1., 1991, Piracicaba. **Anais...**, Piracicaba: FEALQ, 1992. p. 60–81.

VELLO, N.A.; SILVA, L.A.S. Genética busca atender ao consumo humano crescente. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 5, p. 60-62, 2006.

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, A.J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Brazilian Journal of Genetics,** Ribeirão Preto, v.11, n.3, p.679-697, 1988.

VELLO, N.A.;BERNARDI, W.F.;PINTO, J.I.H.V.; NEKATSCHALOW, M.C.; DIDONE, C.A.; COGO, A.R. Vegetable soybean research on cultivar development and future market potential in South America with emphasis on Brazil. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3.; WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7., 2004, Londrina. **Anais...**Londrina: EMBRAPA Soja, 2004. p. 936-941.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P.**Genética biométrica no fitomelhoramento***.* Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VICENTE, D.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elites de soja. **Acta Scientiarum Agronomy,** Maringá, v.26, n.3, p. 301-307, 2004.

VIEIRA, E.A.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; SILVA, J.A.G.; MARTINS, A.F.; BERTAN, E.; SILVA, G.O.; SCHMIDT, D.A.M. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia,** Campinas, v.64, n.1, p.51-60, 2005.

VIEIRA, E.S.N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R.B. da; OLIVEIRA, M.A.R. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 44, n. 11, p. 1460-1466, 2009.

VIEIRA, E.S.N.; VON PINHO, E.V.R.; CARVALHO, M.G.G.; SILVA, P.A. da. Caracterização de cultivares de soja por descritores morfológicos e marcadores bioquímicos e proteínas e izoenzimas. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 31, n. 1, p. 86-94, 2009.

VIEIRA, P.F.M.J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. 2009. 85 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

VILLELA, O.T. **Diversidade fenotípica e molecular de cultivares brasileiras de soja portadoras de gene RR**. 2013. 80 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2013.

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

WYSMIERSKI, P.T.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution overtime and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology,** Ribeirão Preto, v. 34, n. 4, p. 547-555, 2013.

YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Evaluation of the average performance of topcrosses among food and grain type soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology,** Curitiba, v. 46, n. 3, p. 323-332, 2003.

YOKOMIZO, G.K.; DUARTE, J.B.; VELLO, N.A. Correlações fenotípicas entre tamanho de grão e outros caracteres em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2235-2241, 2000.

YOKOMIZO, G.K.; DUARTE, J.B.; VELLO, N.A.; UNFRIED, J.R. Análise AMMI da produtividade de grãos em linhagens de soja selecionadas para resistência à ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 48, n. 10, p. 1376-1384, 2013.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH JUNIOR, H.G. Statistical analysis of a yield Trial. **Agronomy Journal,** Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COIMBRA, G.K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias,** Londrina, v. 30, n. 1, p.21-30, 2009.

ANEXOS

Anexo A - Linhagens selecionadas das 24 populações de soja avaliadas nos experimentos de 2012/13 e 2014/15 (continua)

Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem
1	USP 04-18.092-01	44	USP 04-17.027-04	87	USP 02-16.063-07
2	USP 04-18.092-02	45	USP 04-17.027-05	88	USP 02-16.063-08
3	USP 04-18.092-03	46	USP 04-17.027-06	89	USP 02-16.063-09
4	USP 04-18.092-04	47	USP 04-17.027-07	90	USP 02-16.063-10
5	USP 04-18.092-05	48	USP 04-17.027-08	91	USP 02-16.063-11
6	USP 04-18.092-06	49	USP 04-17.027-09	92	USP 02-16.063-12
7	USP 04-18.092-07	50	USP 04-17.027-10	93	USP 02-16.063-13
8	USP 04-18.092-08	51	USP 04-17.027-11	94	USP 02-16.063-14
9	USP 04-18.092-09	52	USP 04-17.027-12	95	USP 02-16.063-15
10	USP 04-18.092-10	53	USP 04-17.027-13	96	USP 02-16.063-16
11	USP 04-18.092-11	54	USP 04-17.027-14	97	USP 02-16.063-17
12	USP 04-18.092-12	55	USP 04-17.027-15	98	USP 02-16.063-18
13	USP 04-18.092-13	56	USP 04-17.027-16	99	USP 02-16.063-19
14	USP 04-18.092-14	57	USP 04-17.027-17	100	USP 02-16.063-20
15	USP 04-18.092-15	58	USP 04-17.027-18	101	USP 04-18.063-01
16	USP 04-18.092-16	59	USP 04-17.027-19	102	USP 04-18.063-02
17	USP 04-18.092-17	60	USP 04-17.027-20	103	USP 04-18.063-03
18	USP 04-18.092-18	61	USP 04-18.111-01	104	USP 04-18.063-04
19	USP 04-18.092-19	62	USP 04-18.111-02	105	USP 04-18.063-05
20	USP 04-18.092-20	63	USP 04-18.111-03	106	USP 04-18.063-06
21	USP 10-10-01	64	USP 04-18.111-04	107	USP 04-18.063-07
22	USP 10-10-02	65	USP 04-18.111-05	108	USP 04-18.063-08
23	USP 10-10-03	66	USP 04-18.111-06	109	USP 04-18.063-09
24	USP 10-10-04	67	USP 04-18.111-07	110	USP 04-18.063-10
25	USP 10-10-05	68	USP 04-18.111-08	111	USP 04-18.063-11
26	USP 10-10-06	69	USP 04-18.111-09	112	USP 04-18.063-12
27	USP 10-10-07	70	USP 04-18.111-10	113	USP 04-18.063-13
28	USP 10-10-08	71	USP 04-18.111-11	114	USP 04-18.063-14
29	USP 10-10-09	72	USP 04-18.111-12	115	USP 04-18.063-15
30	USP 10-10-10	73	USP 04-18.111-13	116	USP 04-18.063-16
31	USP 10-10-11	74	USP 04-18.111-14	117	USP 04-18.063-17
32	USP 10-10-12	75	USP 04-18.111-15	118	USP 04-18.063-18
33	USP 10-10-13	76	USP 04-18.111-16	119	USP 04-18.063-19
34	USP 10-10-14	77	USP 04-18.111-17	120	USP 04-18.063-20
35	USP 10-10-15	78	USP 04-18.111-18	121	USP 04-18.069-01
36	USP 10-10-16	79	USP 04-18.111-19	122	USP 04-18.069-02
37	USP 10-10-17	80	USP 04-18.111-20	123	USP 04-18.069-03
38	USP 10-10-18	81	USP 02-16.063-01	124	USP 04-18.069-04
39	USP 10-10-19	82	USP 02-16.063-02	125	USP 04-18.069-05
40	USP 10-10-20	83	USP 02-16.063-03	126	USP 04-18.069-06
41	USP 04-17.027-01	84	USP 02-16.063-04	127	USP 04-18.069-07
42	USP 04-17.027-02	85	USP 02-16.063-05	128	USP 04-18.069-08
43	USP 04-17.027-03	86	USP 02-16.063-06	129	USP 04-18.069-09

Anexo A - Linhagens selecionadas das 24 populações de soja avaliadas nos experimentos de 2012/13 e 2014/15

(continuação)

Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem
130	USP 04-18.069-10	167	USP 02-16.051-07	204	USP 04-17.039-04
131	USP 04-18.069-11	168	USP 02-16.051-08	205	USP 04-17.039-05
132	USP 04-18.069-12	169	USP 02-16.051-09	206	USP 04-17.039-06
133	USP 04-18.069-13	170	USP 02-16.051-10	207	USP 04-17.039-07
134	USP 04-18.069-14	171	USP 02-16.051-11	208	USP 04-17.039-08
135	USP 04-18.069-15	172	USP 02-16.051-12	209	USP 04-17.039-09
136	USP 04-18.069-16	173	USP 02-16.051-13	210	USP 04-17.039-10
137	USP 04-18.069-17	174	USP 02-16.051-14	211	USP 04-17.039-11
138	USP 04-18.069-18	175	USP 02-16.051-15	212	USP 04-17.039-12
139	USP 04-18.069-19	176	USP 02-16.051-16	213	USP 04-17.039-13
140	USP 04-18.069-20	177	USP 02-16.051-17	214	USP 04-17.039-14
141	USP 02-16.120-01	178	USP 02-16.051-18	215	USP 04-17.039-15
142	USP 02-16.120-02	179	USP 02-16.051-19	216	USP 04-17.039-16
143	USP 02-16.120-03	180	USP 02-16.051-20	217	USP 04-17.039-17
144	USP 02-16.120-04	181	USP 02-16.045-01	218	USP 04-17.039-18
145	USP 02-16.120-05	182	USP 02-16.045-02	219	USP 04-17.039-19
146	USP 02-16.120—6	183	USP 02-16.045-03	220	USP 04-17.039-20
147	USP 02-16.120-07	184	USP 02-16.045-04	221	USP 05-17-01
148	USP 02-16.120-08	185	USP 02-16.045-05	222	USP 05-10-02
149	USP 02-16.120-09	186	USP 02-16.045-06	223	USP 05-17-03
150	USP 02-16.120-10	187	USP 02-16.045-07	224	USP 05-17-04
151	USP 02-16.120-11	188	USP 02-16.045-08	225	USP 05-17-05
152	USP 02-16.120-12	189	USP 02-16.045-09	226	USP 05-17-06
153	USP 02-16.120-13	190	USP 02-16.045-10	227	USP 05-17-07
154	USP 02-16.120-14	191	USP 02-16.045-11	228	USP 05-17-08
155	USP 02-16.120-15	192	USP 02-16.045-12	229	USP 05-17-09
156	USP 02-16.120-16	193	USP 02-16.045-13	230	USP 05-17-10
157	USP 02-16.120-17	194	USP 02-16.045-14	231	USP 05-17-11
158	USP 02-16.120-18	195	USP 02-16.045-15	232	USP 05-17-12
159	USP 02-16.120-19	196	USP 02-16.045-16	233	USP 05-17-13
160	USP 02-16.120-20	197	USP 02-16.045-17	234	USP 05-17-14
161	USP 02-16.051-01	198	USP 02-16.045-18	235	USP 05-17-15
162	USP 02-16.051-02	199	USP 02-16.045-19	236	USP 05-17-16
163	USP 02-16.051-03	200	USP 02-16.045-20	237	USP 05-17-17
164	USP 02-16.051-04	201	USP 04-17.039-01	238	USP 05-17-18
165	USP 02-16.051-05	202	USP 04-17.039-02	239	USP 05-17-19
166	USP 02-16.051-06	203	USP 04-17.039-03	240	USP 05-17-20

Anexo A - Linhagens selecionadas das 24 populações de soja avaliadas nos experimentos de 2012/13 e 2014/15 (continuação)

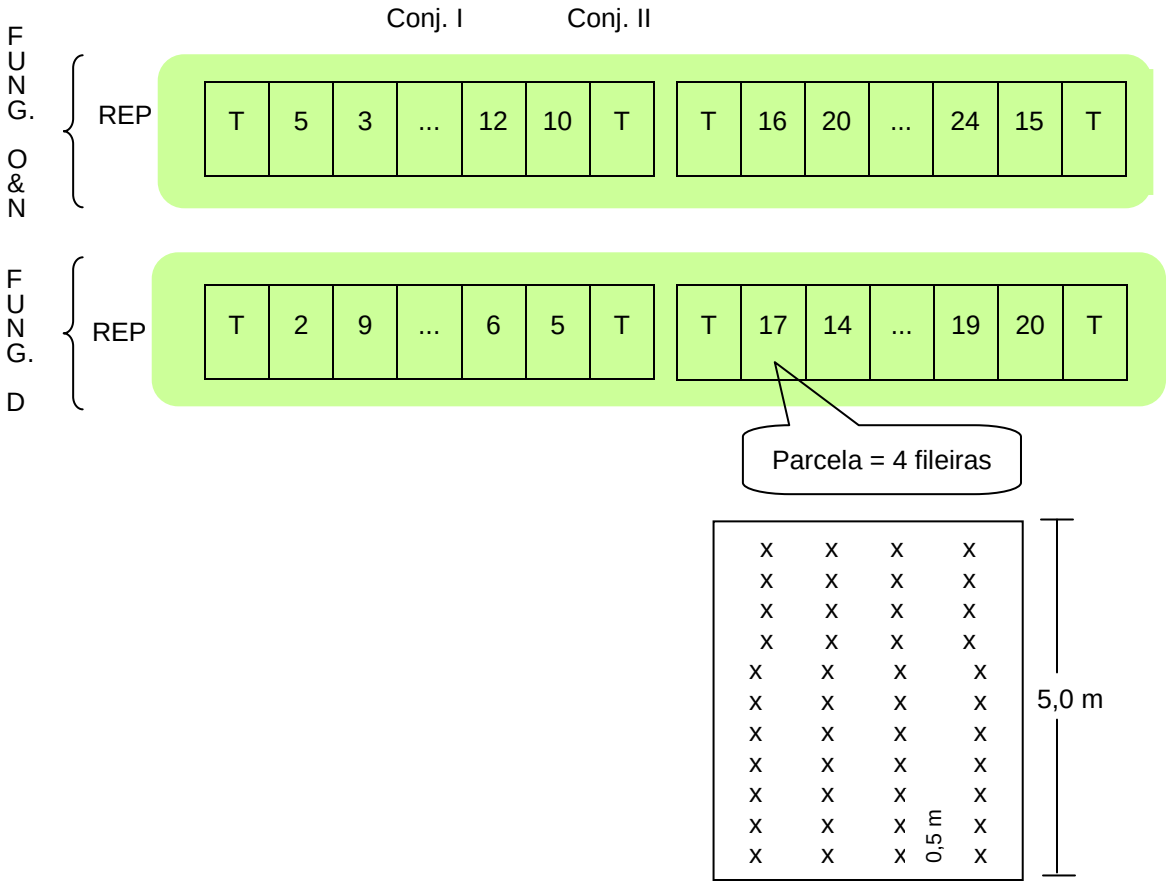
Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem
241	USP 02-16.122-01	281	USP 10-24-01	321	USP 04-17.011-01
242	USP 02-16.122-02	282	USP 10-24-02	322	USP 04-17.011-02
243	USP 02-16.122-03	283	USP 10-24-03	323	USP 04-17.011-03
244	USP 02-16.122-04	284	USP 10-24-04	324	USP 04-17.011-04
245	USP 02-16.122-05	295	USP 10-24-05	325	USP 04-17.011-05
246	USP 02-16.122-06	286	USP 10-24-06	326	USP 04-17.011-06
247	USP 02-16.122-07	287	USP 10-24-07	327	USP 04-17.011-07
248	USP 02-16.122-08	288	USP 10-24-08	328	USP 04-17.011-08
249	USP 02-16.122-09	289	USP 10-24-09	329	USP 04-17.011-09
250	USP 02-16.122-10	290	USP 10-24-10	330	USP 04-17.011-10
251	USP 02-16.122-11	291	USP 10-24-11	331	USP 04-17.011-11
252	USP 02-16.122-12	291	USP 10-24-12	332	USP 04-17.011-12
253	USP 02-16.122-13	293	USP 10-24-13	333	USP 04-17.011-13
254	USP 02-16.122-14	294	USP 10-24-14	334	USP 04-17.011-14
255	USP 02-16.122-15	295	USP 10-24-15	335	USP 04-17.011-15
256	USP 02-16.122-16	296	USP 10-24-16	336	USP 04-17.011-16
257	USP 02-16.122-17	297	USP 10-24-17	337	USP 04-17.011-17
258	USP 02-16.122-18	298	USP 10-24-18	338	USP 04-17.011-18
259	USP 02-16.122-19	299	USP 10-24-19	339	USP 04-17.011-19
260	USP 02-16.122-20	300	USP 10-24-20	340	USP 04-17.011-20
261	USP 97-08.057-01	301	USP 02-16.074-01	341	USP 04-18.091-01
262	USP 97-08.057-02	302	USP 02-16.074-02	342	USP 04-18.091-02
263	USP 97-08.057-03	303	USP 02-16.074-03	343	USP 04-18.091-03
264	USP 97-08.057-04	304	USP 02-16.074-04	344	USP 04-18.091-04
265	USP 97-08.057-05	305	USP 02-16.074-05	345	USP 04-18.091-05
266	USP 97-08.057-06	306	USP 02-16.074-06	346	USP 04-18.091-06
267	USP 97-08.057-07	307	USP 02-16.074-07	347	USP 04-18.091-07
268	USP 97-08.057-08	308	USP 02-16.074-08	348	USP 04-18.091-08
269	USP 97-08.057-09	309	USP 02-16.074-09	349	USP 04-18.091-09
270	USP 97-08.057-10	310	USP 02-16.074-10	350	USP 04-18.091-10
271	USP 97-08.057-11	311	USP 02-16.074-11	351	USP 04-18.091-11
272	USP 97-08.057-12	312	USP 02-16.074-12	352	USP 04-18.091-12
273	USP 97-08.057-13	313	USP 02-16.074-13	353	USP 04-18.091-13
274	USP 97-08.057-14	314	USP 02-16.074-14	354	USP 04-18.091-14
275	USP 97-08.057-15	315	USP 02-16.074-15	355	USP 04-18.091-15
276	USP 97-08.057-16	316	USP 02-16.074-16	356	USP 04-18.091-16
277	USP 97-08.057-17	317	USP 02-16.074-17	357	USP 04-18.091-17
278	USP 97-08.057-18	318	USP 02-16.074-18	358	USP 04-18.091-18
279	USP 97-08.057-19	319	USP 02-16.074-19	359	USP 04-18.091-19
280	USP 97-08.057-20	320	USP 02-16.074-20	360	USP 04-18.091-20

Anexo A - Linhagens selecionadas das 24 populações de soja avaliadas nos experimentos de 2012/13 e 2014/15

(conclusão)

Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem	Ordem	Linhagem
361	USP 02-16.140-01	402	USP 98-13.009-02	443	USP 02-16.182-03
362	USP 02-16.140-02	403	USP 98-13.009-03	444	USP 02-16.182-04
363	USP 02-16.140-03	404	USP 98-13.009-04	445	USP 02-16.182-05
364	USP 02-16.140-04	405	USP 98-13.009-05	446	USP 02-16.182-06
365	USP 02-16.140-05	406	USP 98-13.009-06	447	USP 02-16.182-07
366	USP 02-16.140-06	407	USP 98-13.009-07	448	USP 02-16.182-08
367	USP 02-16.140-07	408	USP 98-13.009-08	449	USP 02-16.182-09
368	USP 02-16.140-08	409	USP 98-13.009-09	450	USP 02-16.182-10
369	USP 02-16.140-09	410	USP 98-13.009-10	451	USP 02-16.182-11
370	USP 02-16.140-10	411	USP 98-13.009-11	452	USP 02-16.182-12
371	USP 02-16.140-11	412	USP 98-13.009-12	453	USP 02-16.182-13
372	USP 02-16.140-12	413	USP 98-13.009-13	454	USP 02-16.182-14
373	USP 02-16.140-13	414	USP 98-13.009-14	455	USP 02-16.182-15
374	USP 02-16.140-14	415	USP 98-13.009-15	456	USP 02-16.182-16
375	USP 02-16.140-15	416	USP 98-13.009-16	457	USP 02-16.182-17
376	USP 02-16.140-16	417	USP 98-13.009-17	458	USP 02-16.182-18
377	USP 02-16.140-17	418	USP 98-13.009-18	459	USP 02-16.182-19
378	USP 02-16.140-18	419	USP 98-13.009-19	460	USP 02-16.182-20
379	USP 02-16.140-19	420	USP 98-13.009-20	461	USP 02-16.179-01
380	USP 02-16.140-20	421	USP 11-12-01	462	USP 02-16.179-02
381	USP 08-04-01	422	USP 11-12-02	463	USP 02-16.179-03
382	USP 08-04-02	423	USP 11-12-03	464	USP 02-16.179-04
383	USP 08-04-03	424	USP 11-12-04	465	USP 02-16.179-05
384	USP 08-04-04	425	USP 11-12-05	466	USP 02-16.179-06
385	USP 08-04-05	426	USP 11-12-06	467	USP 02-16.179-07
386	USP 08-04-06	427	USP 11-12-07	468	USP 02-16.179-08
387	USP 08-04-07	428	USP 11-12-08	469	USP 02-16.179-09
388	USP 08-04-08	429	USP 11-12-09	470	USP 02-16.179-10
389	USP 08-04-09	430	USP 11-12-10	471	USP 02-16.179-11
390	USP 08-04-10	431	USP 11-12-11	472	USP 02-16.179-12
391	USP 08-04-11	432	USP 11-12-12	473	USP 02-16.179-13
392	USP 08-04-12	433	USP 11-12-13	474	USP 02-16.179-14
393	USP 08-04-13	434	USP 11-12-14	475	USP 02-16.179-15
394	USP 08-04-14	435	USP 11-12-15	476	USP 02-16.179-16
395	USP 08-04-15	436	USP 11-12-16	477	USP 02-16.179-17
396	USP 08-04-16	437	USP 11-12-17	478	USP 02-16.179-18
397	USP 08-04-17	438	USP 11-12-18	479	USP 02-16.179-19
398	USP 08-04-18	439	USP 11-12-19	480	USP 02-16.179-20
399	USP 08-04-19	440	USP 11-12-20	481	BRS 133
400	USP 08-04-20	441	USP 02-16.182-01	482	Monsoy 8001
401	USP 98-13.009-01	442	USP 02-16.182-02		

Anexo B - Croqui dos experimentos dos anos agrícolas 2007/08, 2008/09, 2009/10, 2010/11 e 2011/12. Soja, Piracicaba - SP



Experimentos:

Delineamento em blocos

De 2 a 4 repetições, em que uma repetição foi estratificada em dois conjuntos

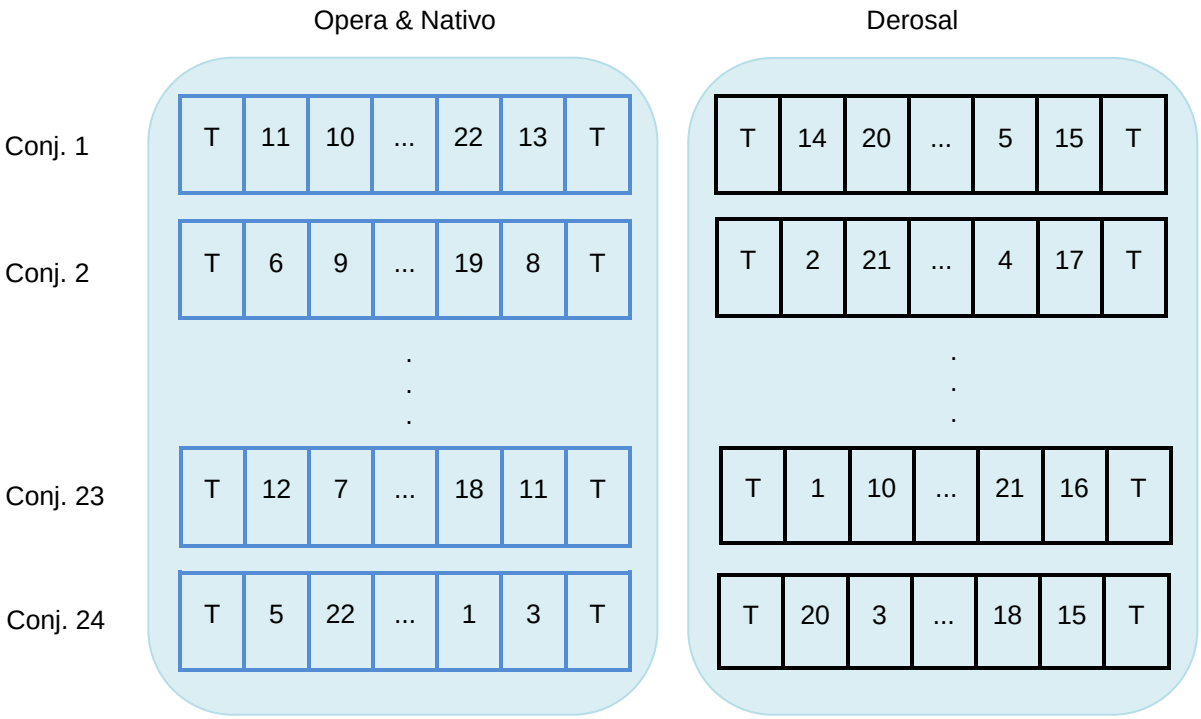
1 conjunto = 12 parcelas = 2 populações + 2 testemunhas

Total de 24 parcelas por repetição

FUNG. O & N= Opera e Nativo ou Opera e Impacto Duo ou Opera e Priori Xtra

FUNG. D = Derosal

Anexo C - Croqui dos experimentos dos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14. Soja, Piracicaba - SP



<u>Experimentos dos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14:</u>

Delineamento em Blocos Aumentados de Federer

24 conjuntos

1 conjunto com 20 linhagens mais duas testemunhas (Monsoy 8001 e BRS 133)

22 parcelas por conjunto

Parcela com uma fileira de plantas com 2,0 m x 0,5 m