

DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SOJA POR MEIO DE CARACTERES AGROMORFOLÓGICOS

GENETIC DIVERSITY OF SOYBEAN GENOTYPES BY AGRONOMIC TRAITS

Bruno Henrique Pedroso Val (1)
José Arantes Ferreira Júnior (2)
Eduardo Henrique Bizari (1)
Antonio Orlando Di Mauro (3)
Sandra Helena Unêda Trevisoli (4)

Resumo

A soja é originária do continente Asiático e durante anos, passou por um processo de evolução e expansão, sendo hoje de extrema importância no agronegócio mundial e indispensável fonte de matéria-prima impulsionadora de diversos complexos agroindustriais. O objetivo do presente estudo foi avaliar a divergência genética entre genótipos de soja por meio de características agromorfológicas, com o intuito de identificar combinações genéticas superiores e promissoras. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias UNESP, Campus de Jaboticabal, no ano agrícola 2012/13. O material genético foi composto por 27 linhagens na geração F₇-F₈ e 3 testemunhas (CD-219, CD-216 e Conquista). Por meio do presente estudo foi possível detectar a presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, pelo método de agrupamento UPGMA. De acordo com o observado, as linhagens do grupo 4 poderiam ser cruzadas com as linhagens 27, 9 e 1. As linhagens do grupo 6 e grupo 2 poderiam ser cruzadas com as do grupo 5 em busca de novas combinações superiores. Conclui-se que os genótipos superiores foram 15, 32 (CD-216), 21, 2 e 33 (Conquista) por apresentarem características agrônomicas desejáveis e boa performance agrônômica.

Palavras chaves: *Glycine max*. Melhoramento genético. Análise de agrupamento.

Abstract

Soybean is native of Asian continent and a long of years, went through a process of evolution and expansion being of great importance in today's global agribusiness and indispensable source of raw driving various agroindustrial complexes. The

¹Mestrando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas- UNESP-FCAV.

²Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas- UNESP-FCAV.

³Professor Titular do Departamento de Produção Vegetal da UNESP-FCAV-Jaboticabal.

⁴Professor Assistente Doutor do Departamento de Produção Vegetal da UNESP-FCAV-Jaboticabal.

aim of the current study was to evaluate the genetic divergence between soybean genotypes by agronomic traits, to identify superior genetics combinations that have been higher and promising. The experiment was conducted at the Experimental Farm of the University of Agriculture and Veterinary Sciences, UNESP, Campus of Jaboticabal in season 2012/13. The genetic material was composed by 27 lines F₇-F₈ generation and 3 checks (CD-219, CD-216 and Conquista). Through the study it was possible to determine the presence of genetic variability inside the evaluated genotypes with the UPGMA cluster method. The lines of group four could be crossed with the lines 27,9 and 1. The line of group six and two could be crossed with the group five in search of new genetics combination and genotypes with high agronomic performance. It has been concluded that the superior genotypes were: 15, 32 (CD-216), 21, 2, 33 (Conquista) by presenting desirable agronomic traits and good performance.

Keywords: *Glycine max. Soybean breeding. Cluster analysis.*

1 Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é originária do continente Asiático e durante anos, passou por processo de melhoramento e expansão sendo hoje de extrema importância no agronegócio mundial, além de indispensável fonte de matéria-prima impulsionadora de diversos complexos agroindustriais.

O cultivo dessa cultura em escala comercial teve início na região leste da Ásia há mais de 1000 anos. No Brasil o cultivo de soja para produção comercial de grãos teve início em 1935, no Rio Grande do Sul cuja principal finalidade consistia na alimentação de suínos. (SEDIYAMA et al., 2009).

Desde essa época a cultura foi se destacando, sendo que instituições públicas foram responsáveis pelas implementações de programas de melhoramento genético desta espécie, visando o desenvolvimento de cultivares adaptadas para as demais regiões do país, o que possibilitou a quebra de fronteiras agrícolas, o desenvolvimento de novas regiões de cultivo e a geração de milhares de empregos.

Segundo Sedyama et al. (2009), a soja é uma das culturas mais importantes do mundo, sendo seu grão rico em proteínas (40%) e óleo (20%), podendo ser utilizada como adubo verde, forragem, silagem, feno e pastagem. O grão pode fornecer óleo para a alimentação humana, produção de biodiesel, desinfetantes, lubrificantes, sabões etc. O farelo é utilizado na alimentação humana e animal.

O Brasil é o segundo maior produtor de soja, ficando atrás somente dos EUA. A leguminosa é considerada a principal cultura do país, apresentando área plantada de 27,71

milhões de hectares na safra 2012/2013, sendo 10,4% superior ao ano agrícola anterior (CONAB, 2013).

Em programas de melhoramento de soja, na seleção de genitores para a síntese de novas populações, é recomendado que sejam observados sempre um conjunto de caracteres de interesse, ao invés de caracteres individuais. A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, em que diversos caracteres avaliados podem ser utilizados simultaneamente, torna-se bastante vantajosa (MOURA et al., 1999).

Para estudar a diversidade genética dos genótipos, podem ser utilizadas características morfológicas ou moleculares. A utilização de técnicas multivariadas nas análises permite unificar as informações, desta forma cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas.

A mensuração de características agronômicas da cultura como altura de inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturação (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), número de ramos (NR) e número de vagens (NV) é importante pois permite ao melhorista identificar e selecionar os melhores genótipos por meio de caracteres de grande importância agronômica.

Dentro das técnicas multivariadas existem dois principais métodos de agrupamentos a saber: os aglomerativos e os hierárquicos. O método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA) tem a finalidade de reunir por critério de classificação os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (KLOSTER et al., 2011).

De acordo com Abreu et al. (2004), o conhecimento sobre a divergência genética, possibilita identificar indivíduos com melhor capacidade específica de combinação e heterose, antes de se realizar os cruzamentos, com maior chance de identificar e recuperar combinações mais promissoras nas populações segregantes. Permite ainda que o melhorista concentre seus esforços naqueles cruzamentos que são mais promissores.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu em avaliar a divergência genética entre linhagens avançadas de soja superiores, a partir de características de importância agronômica, visando identificar futuras combinações genéticas superiores, além de identificar genitores promissores para futuros cruzamentos.

2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2012/2013 na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, localizada ao norte do Estado de São Paulo, a 21°15’ de latitude sul e 48°18’ de longitude oeste, com altitude aproximada de 595 m. O solo utilizado neste estudo é classificado como Latossolo Vermelho Eutroférico Argiloso (Lvef) (1), com relevo suavemente ondulado e o clima é do tipo Cwa, segundo a classificação de Köppen.

A semeadura foi realizada manualmente no dia 27 de novembro de 2012, em sulcos com densidade de quinze plantas por metro. As parcelas experimentais foram mantidas durante todo o ciclo da cultura, com rigoroso controle de pragas, doenças e plantas infestantes, conforme recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2011).

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

Foram semeadas 27 linhagens do programa de melhoramento genético de soja da FCAV/UNESP Jaboticabal e 3 testemunhas (cultivares comerciais) sendo: CD 219 (31), CD 216 (32) e Conquista (33). A seguir (Tabela 1) a identificação de cada uma das linhagens e a referida genealogia.

Tabela 1- Material e genealogia das linhagens de soja da Unesp-FCAV. Ano agrícola 2012/2032, Jaboticabal-SP.

Material	Genealogia
1	PI 200456 x MGBR46 Conquista
2	PI 200456 x MGBR46 Conquista
3	PI 200456 x MGBR46 Conquista
4	PI 200456 x MGBR46 Conquista
5	PI 200456 x MGBR46 Conquista
6	PI 200456 x MGBR46 Conquista
7	PI 200456 x MGBR46 Conquista
8	PI 200456 x MGBR46 Conquista
9	PI 200456 x MGBR46 Conquista
10	PI 200456 x MGBR46 Conquista
11	PI 200456 x MGBR46 Conquista
12	PI 200456 x MGBR46 Conquista

13	PI200526 Shiranui x Codetec 205
14	PI200526 Shiranui x Codetec 205
15	PI200526 Shiranui x Codetec 205
16	PI 200456 x MGBR46 Conquista
17	PI 200456 x MGBR46 Conquista
18	PI 200456 x MGBR46 Conquista
20	PI 200456 x MGBR46 Conquista
21	PI 200456 x MGBR46 Conquista
22	PI 200456 x MGBR46 Conquista
23	PI 200456 x MGBR46 Conquista
24	PI200526 Shiranui x Codetec 205
26	PI200526 Shiranui x Codetec 205
27	PI 200456 x MGBR46 Conquista
28	PI200526 Shiranui x Codetec 205
29	PI 200456 x MGBR46 Conquista
31	CD-219
32	CD-216
33	Conquista

A caracterização fenotípica foi realizada por meio da avaliação dos seguintes caracteres: **Altura da planta na maturidade (APM)**: obtido pela medida, em cm da altura do colo da planta até o ápice da haste principal, através da média de seis plantas tomadas ao acaso dentro da área útil. **Altura de inserção da primeira vagem (AIV)**: obtido pela medida, em cm do colo da planta até a altura da inserção da primeira vagem, através da média de seis plantas dentro da área útil. **Número de ramos por planta (NR)**: obtido por meio da contagem de ramos de cada planta, sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Número de vagens por planta (NV)**: obtido por meio da contagem da quantidade de vagens de cada planta sendo tomado o valor médio de seis plantas dentro da área útil. **Acamamento (Ac)**: caráter avaliado no estágio da planta por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas); **Valor agrônômico (VA)**: caráter avaliado no estágio R8 de desenvolvimento da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônômicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agrônômicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais (arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e

sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade) (FEHR & CAVINESS, 1977).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, seguindo o modelo matemático do delineamento de blocos ao acaso (CRUZ, 2001), sendo:

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

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

μ = média geral;

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

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

E_{ij} = erro experimental.

As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Para calcular a matriz de distância foi utilizada a distância Euclidiana (CRUZ; CARNEIRO, 2003), seguindo a inferência:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (Y_{ij} - Y_{i'j})^2} \quad \text{em que:}$$

Y_{ij} = Valor observado do i -ésimo genótipo, para j -ésima característica;

v = Número de características estudadas;

Com base na matriz de distância, construída a partir das distâncias Euclidianas, aplicou-se o método de agrupamento UPGMA, utilizando o software STATISTIC (STATSOFT, 2004).

3 Resultados e Discussão

Os resultados obtidos por meio das análises estatísticas, para os caracteres avaliados encontram-se na Tabela 2.

Para todas as seis características avaliadas, foram detectados efeitos significativos para o teste F ao nível de 5% de probabilidade, indicando a presença de variabilidade genética para

estes caracteres, entre os genótipos avaliados. Os coeficientes de variação oscilaram de 3,08 % para o caráter AIV à 25,41 % para AC.

Tabela 2- Médias dos caracteres agrônômicos avaliados em 30 genótipos de soja, agrupadas pelo teste de Scott-Knott (5%). Jaboticabal, SP, Ano agrícola 2012/2013.

Id	AIV (cm)	Id	APM (cm)	Id	AC (nota)	Id	VA (nota)	Id	NR (contagem)	Id	NV (contagem)
31	20,73 A	31	108,13 A	13	1,00 A	31	5,00 A	23	5,30 A	29	165,33 A
21	16,93 B	10	103,60 A	16	1,00 A	33	3,83 B	13	5,10 A	27	161,53 A
10	15,80 B	15	94,80 B	23	1,67 A	10	3,67 B	29	4,80 A	23	158,90 A
33	13,07 C	33	94,20 B	29	1,00 A	16	3,33 B	27	4,47 A	15	151,60 A
11	13,00 C	2	92,53 B	31	1,00 A	18	3,33 B	33	4,47 A	1	146,27 A
5	9,47 C	21	91,73 B	6	1,17 A	4	3,17 B	1	4,33 A	13	141,40 A
2	11,40 C	32	87,33 B	10	1,17 A	5	3,17 B	22	4,40 A	9	129,90 A
12	10,80 C	4	85,20 B	11	1,17 A	20	3,17 B	9	4,20 A	20	116,73 B
16	10,67 C	17	85,20 B	18	1,17 A	27	3,17 B	7	4,20 A	7	117,53 B
32	10,60 C	11	82,67 C	20	1,17 A	8	3,00 C	15	4,30 A	3	115,60 B
15	10,40 C	18	80,40 C	14	1,33 A	12	3,00 C	3	4,00 A	22	111,07 B
9	9,50 D	16	80,20 C	27	1,33 A	14	3,00 C	21	3,93 A	32	106,00 B
18	9,60 D	12	79,70 C	4	1,33 B	15	2,83 C	14	3,87 A	26	104,87 B
17	9,60 D	28	70,07 C	5	1,33 B	2	2,83 C	32	3,80 A	21	100,73 B
26	9,53 D	5	78,47 C	9	1,33 B	6	2,83 C	8	3,40 A	2	100,53 B
13	8,90 D	24	78,00 C	12	1,33 B	24	2,83 C	6	3,37 A	33	96,27 B
8	8,93 D	1	77,27 C	28	1,33 B	32	2,83 C	10	3,27 A	18	96,20 B
20	8,67 D	20	77,07 C	1	1,50 B	21	2,75 D	20	3,27 A	8	95,53 B
24	9,07 D	26	75,40 C	8	1,50 B	1	2,67 D	4	3,20 A	10	94,33 B
23	8,30 D	8	74,40 C	17	1,50 B	3	2,67 D	17	3,20 A	4	92,93 B
4	8,53 D	27	73,27 C	26	1,50 B	9	2,67 D	28	3,07 A	14	92,53 B
7	8,27 D	7	73,17 C	24	1,67 B	17	2,67 D	18	3,08 A	31	86,67 B
27	7,80 D	9	72,40 C	3	1,50 B	26	2,67 D	26	3,07 A	28	84,73 B
1	7,60 D	14	72,13 C	15	1,50 B	28	2,50 D	2	2,67 B	25	82,30 B
28	7,53 D	6	69,60 D	33	1,50 B	7	2,50 D	11	2,27 B	6	83,50 B
3	7,13 D	3	67,80 D	2	1,67 B	11	2,50 D	24	3,40 B	24	72,13 B
14	7,00 D	23	67,80 D	7	1,67 B	13	2,50 D	12	2,20 B	11	72,47 B
6	6,07 D	22	64,33 D	21	1,67 B	22	2,50 D	5	2,00 B	5	68,40 B
29	6,07 D	13	60,20 E	22	1,83 B	23	2,33 D	16	1,53 B	12	64,90 B
22	5,40 D	29	55,67 E	32	1,83 B	29	2,00 D	31	1,13 B	16	63,53 B
CV	3,08%	CV	15,97%	CV	25,41%	CV	20,60%	CV	15,97%	CV	16,54%
p-valor	0,2261	p-valor	0,9961	p-valor	0,6647	p-valor	0,1453	p-valor	0,7341	p-valor	0,9466

*Médias seguidas com a mesma letra maiúscula (no sentido vertical), pertencem ao mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Id: Genótipo; AIV: Altura de inserção da primeira vagem; APM: Altura da planta na maturação; Ac: Acamamento; VA: Valor Agrônômico; NR: Número de ramos; NV: Número de vagens. Para as características AIV e Ac, foi feita a transformação Box-Cox; Para as características NR, NV, foi feita a transformação para $\sqrt{x+1}$.

Em relação ao caráter AIV, foram obtidas médias variando de 5,40 (22) a 20,73 cm (CD-219), sendo que as linhagens Conquista, 11, 2, 12, 16, CD-216 e 15 apresentaram valores dentro do recomendado por Almeida et al. (2011) (Tabela 2). Segundo este mesmo autor,

cultivares com AIV menores que 10 cm poderiam resultar em perdas na colheita mecanizada, em função da plataforma de corte da colhedora.

Para o caráter APM, o teste de Scott-Knott, discriminou os genótipos em cinco grupos, sendo que os valores oscilaram de 55,67 (29) a 108,13 cm (CD-219). Dos genótipos que obtiveram os maiores valores para esta característica, apenas o 10 e o 31 apresentaram altura acima do recomendado por Marques (2010) (Tabela 2). De acordo com o autor, plantas com altura superiores a 100 cm tendem a acamar, além de dificultarem a eficiência das colhedoras, tendendo ainda a produzir menos e apresentando efeitos adversos sobre a qualidade do produto.

Para o Acamamento (Ac), caráter avaliado por meio de notas, o teste de Scott-Knott formou apenas dois grupos distintos, sendo que os valores oscilaram de 1 à 1,83. Isto pode ser explicado pelo fato do material já ter passado por sucessivas seleções dando preferência sempre aos genótipos mais eretos e como consequência uma redução de sua variabilidade.

Para o caráter VA, o teste de Scott-Knott formou 4 grupos sendo que o genótipo 31, (testemunha CD-219) foi a que apresentou valor máximo, distinguindo-se dos demais genótipos. As notas variaram de 2 à 5, indicando que existe variação importante para esse caráter. O fato pode ser explicado quando consideramos que a avaliação desta característica leva em consideração um conjunto enorme de variáveis como arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade. Logo se vê que o caráter VA é controlado por inúmeros genes e que sofre grande influência ambiental, sendo portanto mais difícil exaurir sua variabilidade ao longo das gerações de seleção.

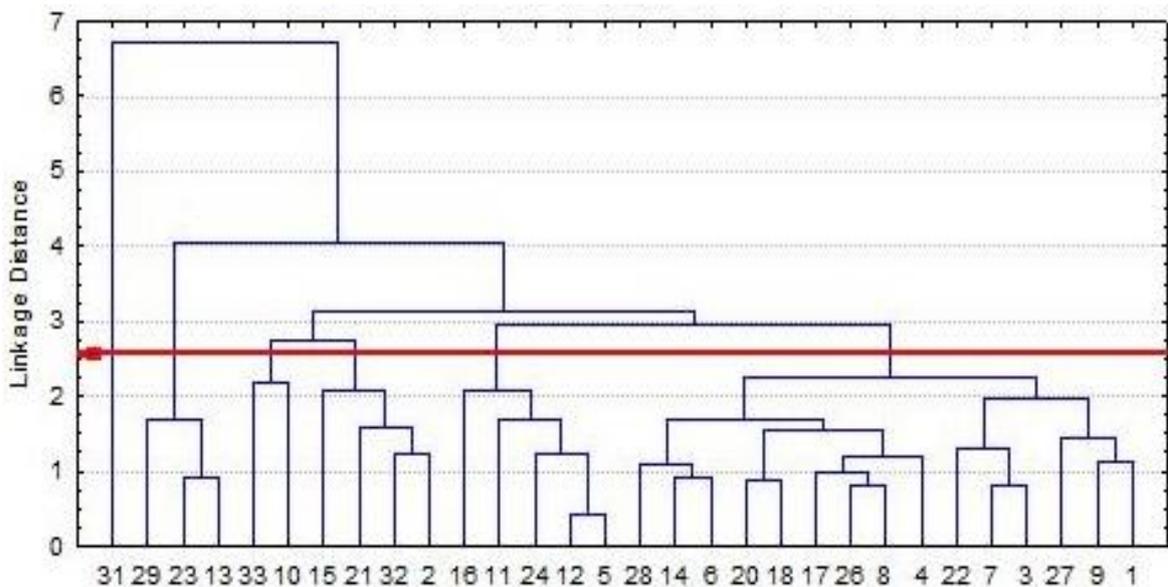
Para o caráter NR, o teste de Scott-Knott formou 2 grupos, variando de 1,13 (31- CD-219) à 5,30 (23). Em seu trabalho Navarro Junior e Costa (2002), constataram que algumas das cultivares avaliadas o número de ramos esteve fortemente correlacionado com a produção de grãos das mesmas, isso se deve ao fato dessas cultivares apresentarem maior número de nós férteis nos ramos, consequentemente maior produção de grãos nos ramos.

Para o caráter NV, o teste Scott-Knott classificou os genótipos em dois grupos, sendo que as linhagens 29, 27, 23 e 15 apresentaram os maiores valores (Tabela 2). Peluzio et al. (2010) encontraram correlação positiva entre número de vagens por planta e produtividade, enfatizando que este é um caráter importante para o rendimento final de grãos, por fazer parte

do grupo dos componentes da produção. Por sua vez, Carpentieri-Pípolo et al. (2005), encontraram correlações positivas entre o número de vagens por planta e o peso de sementes.

O dendograma abaixo (Figura 1) ilustra o método de agrupamento UPGMA, utilizando-se a distância Euclidiana. O corte foi feito a uma altura de 37 %, ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível, de acordo com a recomendação de Cruz (1990).

Figura 1- Dendograma obtido entre os 30 genótipos avaliados, utilizando o método UPGMA.



O primeiro grupo foi formado pelo genótipo 31 (testemunha CD-219), que possivelmente se distinguiu dos demais grupos por apresentar o maior valor para o caráter AIV (20,73 cm) e para o caráter APM (108,13 cm). De acordo com o teste de Scott-Knott (Tabela 2) formou-se 4 grupos para o caráter AIV sendo que a CD-219 ficou também isolada dos demais grupos para essa característica, ao passo que para APM foi formado um grupo apenas com o genótipo 10, explicando o fato destes genótipos estarem próximos no dendograma (Figura 1).

O segundo grupo foi composto pelas linhagens 29, 23, 13, sendo que, exceto para APM, todas as características dos referidos genótipos apresentaram-se dentro do mesmo grupo de médias no teste de Scott-Knott.

O terceiro grupo foi composto pela linhagem 33 (testemunha conquista) e 10, cujos parentais foram Conquista e PI200456, fato que pode explicar o motivo das mesmas serem

agrupadas em um grupo isolados das demais linhagens. Além disso, as referidas linhagens foram classificadas pelo teste de Scott-Knott nos mesmos grupos para as características VA, NR e NV. Quanto a APM, a linhagem 10 ficou com 103,60 estando um pouco acima do recomendado por Marques (2010). Porém quando se observa a característica Ac, nota-se que a linhagem 10 se diferiu da 33, apresentando-se mais ereta que seu parental (Tabela 1 e Tabela 2). Para a característica AIV, a linhagem 10 apresentou o valor de 15,8 cm, sendo portanto 0,8 cm acima do recomendado por Almeida et al. (2011).

O quarto grupo foi composto pelas linhagens 15, 21, CD-216(32) e 2. Para as características APM e Ac, as linhagens ficaram situadas no mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, para as características AIV,VA, NR e NV.

4 Conclusão

Foi possível detectar a presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, pelos métodos de agrupamento utilizados.

Os genótipos que apresentaram melhores performances agronômicas foram: linhagem 15, 32 (CD-216), 21, 2 e 33 (Conquista), podendo ser recomendados para cultivo, no caso das testemunhas, ou para prosseguirem nos testes de valores de cultivo e uso (VCU), para o caso das linhagens, com potenciais para se tornarem futuros genótipos comerciais.

As linhagens do grupo 4 poderiam ser cruzadas com as linhagens 27, 9 e 1 do grupo 6, as linhagens do grupo 2 poderiam ser cruzadas com as do grupo 5 em busca de novas combinações superiores e elevada variabilidade genética.

5 Referências

ABREU, F.B; LEAL,N.R.; RODRIGUES,R; AMARAL,J.R.A.T.; SILVA,D.J.H. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, n. 22, p. 547-552, 2004.

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

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

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: soja**. Disponível em:

<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_04_09_10_27_26_boletim_graos_abril_2013.pdf>. Acesso em: 05 Set. 2013.

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

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

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

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

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

KLOSTER, G.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVA, C.R.; NEVES, L.G.; PAIVA, SOBRINHO. S.; LUZ, P.B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 452-459, 2011.

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

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

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

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

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.

Ciência & Tecnologia: FATEC-JB, Jaboticabal (SP), v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014. (ISSN 2178-9436).

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BARROS, H.B. Origem, Evolução e Importância Econômica. In: SEDIYAMA, T. (Org.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina:

STATSOFT, Inc. (2004). STATISTICA (data analysis software system), version 7. Mecenas, 2009. p. 1-5.