

## ANÁLISES MULTIVARIADAS NO ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA

Bruna Alves Mundim Borges<sup>1</sup>; Makyslano Rezende da Rocha<sup>2</sup>; Paulo Henrique Mardon Felici<sup>2</sup>;  
Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>3</sup>; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki<sup>4</sup>; Fernanda Mundim<sup>5</sup>; Beliza  
Queiroz Vieira Machado<sup>5</sup>; Josiane Dias Gomes<sup>1</sup>; Raphael Lemes Hamawaki<sup>6</sup>; Cristiane Divina  
Lemes Hamawaki<sup>7</sup>, Raphael Henrique Oliveira da Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Biotecnologia – Universidade Federal de Uberlândia (UFU) – Instituto de Genética e Bioquímica – INGEB, Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil. Bolsista CAPES – email: [bruninha-mb@hotmail.com](mailto:bruninha-mb@hotmail.com); <sup>2</sup>Doutorando em Fitotecnia – UFU – Instituto de Ciências Agrárias – ICIAG –, Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil. <sup>3</sup>Professora Adjunto III na UFU – Instituto de Genética e Bioquímica – Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil. <sup>4</sup>Professor Titular na UFU – Instituto de Ciências Agrárias – Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil. <sup>5</sup>Mestrando em Fitotecnia UFU – Instituto de Ciências Agrárias – ICIAG –, Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil. <sup>6</sup>PhD Student in Southern Illinois University Carbondale, Department of Plant, Soil & Agricultural Systems, Illinois, USA. <sup>7</sup>Programa de Melhoramento e Estudos Genéticos em Soja – UFU/Uberlândia-MG/Brasil.

Entre as principais espécies cultivadas, a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a oleaginosa com maior área plantada no mundo e a principal cultura no país. Na cultura da soja, a hibridação artificial tem sido o método mais utilizado e mais comum para ampliação de variabilidade genética intraespecífica. No entanto, o conhecimento da diversidade genética das populações é importante para viabilizar os cruzamentos, pois geram informações importantes a respeito da distância genética entre os genótipos para a exploração da variabilidade genética no desenvolvimento de novas cultivares. Objetivou-se avaliar neste trabalho, a consistência do padrão de agrupamento de linhagens de soja em oito métodos de agrupamento a partir da medida de dissimilaridade obtida pela distância euclidiana média, visando identificar a melhor metodologia para a indicação de genótipos promissores para a obtenção de populações segregantes. Avaliaram-se 17 linhagens de soja nas gerações F5 e F6, oriundas de diferentes hibridações e retrocruzamentos obtidas pelo programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia e três testemunhas (Emgopa 302, BRSGO Luziânia e MG/BR46 Conquista). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, composto por 20 tratamentos e três repetições. Cada parcela experimental foi composta por uma linha plantas de soja de seis metros de comprimento, espaçadas em 0,90 metros entre linhas, totalizando 180 parcelas. Foram avaliadas as seguintes características agrônômicas: número de dias para floração (NDF), número de dias na maturação (NDM), altura da planta para maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), produtividade de grãos (PROD) e peso de 100 sementes (PCS). Os dados foram submetidos à análise de variância e estimaram-se as matrizes de distância euclidiana média e utilizadas como medidas de dissimilaridade. Posteriormente foram construídos agrupamentos pelo método de Tocher e importância de caracteres e dendogramas pelos métodos hierárquicos da ligação simples (vizinho mais próximo), ligação completa (vizinho mais distante), Ward, mediana (WPGMA), ligação média dentro de grupo e ligação média entre grupo (UPGMA). Por meio da análise de variância verificou a existência de variabilidade para as características avaliadas, possibilitando o estudo da divergência genética. Foi verificado que o método de Tocher e importância de caracteres são equivalentes entre si, os quais apresentaram 100% de concordância no agrupamento dos genótipos de soja. Os métodos avaliados apresentaram um padrão de concordância quando analisado os genótipos agrupados no