

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

JONAS PEDRO DOLFINI PARANZINI

**Dissimilaridade genética e correlações em famílias F2:4 de soja
contrastantes para tipo de crescimento**

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO – 2013

JONAS PEDRO DOLFINI PARANZINI

**Dissimilaridade genética e correlações em famílias F2:4 de soja
contrastantes para tipo de crescimento**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do Título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Alessandro Lucca Braccini.

MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
AGOSTO – 2013

A mente que se abre a uma nova idéia
jamais voltará ao seu tamanho original.
(Albert Einstein).

Aos meus pais, Maria Inez Dolfini e Estéfano Donizeti Munhoz Paranzini.

Aos meus irmãos, Murilo e Elisa.

A todos os meus familiares, que me apoiaram constantemente.

Com carinho.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo caminho e verdade.

À Universidade Estadual de Maringá (UEM) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), pela oportunidade.

À Coodetec, pela abertura da disponibilidade de poder aperfeiçoar o conhecimento e pelo auxílio financeiro para execução do trabalho.

Ao professor doutor Alessandro Lucca Braccini, pela orientação, amizade, apoio e compreensão no decorrer do Mestrado.

Ao professor doutor Carlos Alberto Scapim, pela Coorientação, auxílio e pela contribuição científica e profissional.

Ao doutor Ivan Schuster, pela Coorientação, auxílio, companheirismo, amizade e apoio.

Às estagiárias Andreia Naidek e Hingrit Mazurek Siqueira, pela ajuda na execução do projeto.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), por contribuírem diretamente com minha formação profissional.

Aos Secretários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), Francisco José da Cruz e Maria Valquíria Magro, pelo constante auxílio.

Aos amigos, Marlon Coan e Acácio Antonio Miotto, por toda a amizade e ajuda prestada no decorrer do Mestrado.

Finalmente, agradeço a todos que, de forma direta ou indireta, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

JONAS PEDRO DOLFINI PARANZINI, filho de Estéfano Donizeti Munhoz Paranzini e de Maria Inez Dolfini, nasceu no dia 08 de junho de 1985, na cidade de Dourados, estado do Mato Grosso do Sul.

Em dezembro de 1999, concluiu o Ensino Fundamental, na Escola Nossa Senhora Auxiliadora, na cidade de Cambé, estado do Paraná.

Concluiu o Ensino Médio, em dezembro de 2002, no Colégio Nossa Senhora Auxiliadora, na cidade de Cambé, estado do Paraná.

Ingressou no Curso de Agronomia, em março de 2003, na Universidade Estadual de Londrina (UEL), na cidade de Londrina, estado do Paraná, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em fevereiro de 2008.

Participou de pesquisas do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular do IAPAR – Instituto Agrônomo do Paraná e foi bolsista do CNPq de Iniciação Científica no período de dezembro de 2005 a agosto de 2007.

Em março de 2011, ingressou no Curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM), da Universidade Estadual de Maringá (UEM) em Maringá, estado do Paraná, Brasil.

SUMÁRIO

SUMÁRIO	vii
LISTA DE QUADROS	viii
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. A Cultura da soja.....	3
2.2. Tipo de Crescimento na Soja	3
2.3. Variáveis canônicas	6
2.4. Correlações.....	7
3. MATERIAL E MÉTODOS	8
3.1. Local de condução do experimento	8
3.2. Material genético.....	8
3.3. Delineamento experimental.....	9
3.4. Avaliação de caracteres	9
3.5. Modelo da Análise de Variância.....	10
3.6. Análise de dissimilaridade genética por meio de variáveis canônicas	11
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	16
5. CONCLUSÕES	34
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	35

LISTA DE QUADROS

- Quadro 1 - Interações entre os genes que governam a característica tipo de crescimento em soja, com seus respectivos fenótipos.....4
- Quadro 2 - Tipo de crescimento esperado para cada tratamento avaliado no experimento. Cascavel – PR, 2011.....8
- Quadro 3 - Modelo da Análise de Variância em Blocos Casualizados em esquema hierárquico com dois fatores, com seus respectivos Graus de Liberdade (GL), Soma de Quadrados (SQ), Quadrados Médios (QM) e F calculado para cada Fonte de Variação (FV) da análise.....11
- Quadro 4 - Resumo da Análise de Variância com os respectivos valores de Quadrado Médio para os caracteres avaliados nos tratamentos, grupo determinado, grupo indeterminado e o contraste entre os mesmos. Cascavel-PR, 2011.....18
- Quadro 5 - Agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott (1974) para as características altura de planta (AP), altura de inserção da primeira vagem (AI), diâmetro da haste (DH), número de nós na haste principal (NHP), número de nós férteis na haste principal (NFH), número de vagens na haste principal (NVH) e número de vagens por planta (NVP). Cascavel, 2011.....20
- Quadro 6 - Agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott (1974) para as características número de grãos por planta (NGP), número de grãos por vagem (NGP), número de ramos (NR), massa de grão por planta (MGP), massa de mil grãos (MMG), rendimento de parcela (RP) e altura ao florescimento (AF). Cascavel, 2011.....21
- Quadro 7 - Grupos de dissimilaridade entre os genótipos de soja (famílias F2:4 e testemunhas) estabelecido pelo método de Tocher a partir das distâncias de Mahalanobis e os respectivos tipos de crescimento encontrado dentro de cada grupo. Cascavel-PR, 2011.....22
- Quadro 8 - Estimativa das variâncias dos autovalores associados às variáveis canônicas (VC) juntamente com suas importâncias relativas e

acumuladas, obtidas de quatorze caracteres avaliados em 39 genótipos de soja. Cascavel-PR 2011.....	23
Quadro 9 - Variáveis canônicas estabelecidas pela combinação linear das variáveis padronizadas. Cascavel – PR, 2011.....	25
Quadro 10 - Relação da importância de caracteres na soja para os 39 tratamentos avaliados. Cascavel – PR, 2011.....	26
Quadro 11 - Relação da importância de caracteres avaliados dentro dos dois grupos de materiais determinados e indeterminados. Cascavel – PR, 2011.....	27
Quadro 12 - Correlações genóticas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre os caracteres no grupo de materiais determinados. Cascavel-PR, 2011.....	29
Quadro 13 - Correlações genóticas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre os caracteres no grupo de materiais indeterminados. Cascavel-PR, 2011.....	30

RESUMO

PARANZINI, Jonas Pedro Dolfini Paranzini, M.Sc. Universidade Estadual de Maringá, julho de 2013. **Dissimilaridade genética e correlações em famílias F2:4 de soja contrastantes para tipo de crescimento.** Orientador: Alessandro Lucca Braccini. Coorientadores: Carlos Alberto Scapim e Ivan Schuster.

O objetivo deste trabalho foi estudar correlações e divergência genética, por meio do uso da técnica de variáveis canônicas, em famílias F2:4 de soja oriundas de um mesmo cruzamento e estáveis para tipo de crescimento, buscando obter informações que contribuam para o auxílio na seleção de plantas, de forma direcionada para cada grupo de crescimento. Objetivou-se, também, estudar a importância relativa dos caracteres avaliados perante a variação total dos mesmos, segundo o método proposto por Singh (1981). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições em esquema hierárquico. A metodologia de variáveis canônicas foi eficiente a ponto de reduzir a variação total do experimento para as duas primeiras variáveis canônicas, explicando 79,84%, valor este muito próximo do ideal (80%) para a representação gráfica em plano bidimensional. A importância relativa dos cinco caracteres de maior relevância para a variação total dos tratamentos foi de AP (Altura de Planta), NFHP (Nº de Nós Fértis na Haste Principal), NHP (Nº de Nós na Haste Principal), NVP (Nº de Vagens/Planta) e NGP (Nº de Grãos/Planta), com valores de importância de 32,66%, 17,18%, 13,27%, 10,52% e 5,84%, respectivamente. Quando efetuada a avaliação dentro de cada um dos grupos de crescimento, houve modificações quanto à importância relativa de cada caractere, possibilitando a eliminação de quatro caracteres para o grupo determinado e a eliminação de seis para o grupo indeterminado. As correlações entre caracteres demonstraram existir relações diferenciadas para cada grupo de tipo de crescimento, porém as características número de vagens por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP) e número de ramos (NR) apresentaram correlações significativas com relação à massa de grãos por planta (MGP) para ambos os grupos. Conclui-se que foi possível identificar diferenças quanto à importância dos caracteres quando o estudo é feito com grupos distintos para tipo de crescimento. E, ainda, que o tipo de crescimento é uma característica que tem elevada influência na expressão das demais características avaliadas.

Palavras-chave: diversidade, tipo de crescimento, melhoramento.

ABSTRACT

PARANZINI, Jonas Pedro Dolfini, M.Sc. Universidade Estadual de Maringá, July/2013. **Genetic dissimilarity and correlations in families F2:4 contrasting soybean for growth type**. Advisor: Alessandro Lucca Braccini. Committee Members: Carlos Alberto Scapim e Ivan Schuster.

The aim of this work was studying the genetic divergence throughout the use of Canonical Variables technique in F2:4 soybean populations from the same cross and stable for growth type, searching for information that contribute to aid the selection of plants in a directed way for each growth type. It was also studied the relative importance of the evaluated characters before the total variation among them, according to the method proposed by Singh (1981). The experimental design used was the randomized block, with three replications in a hierarchical scheme. The canonical variables methodology was efficient enough to reduce the total variation of the experiment for the first two canonical variables explaining 79,84%, a value very close to ideal (80%) to be plotted in a two-dimensional plane. The relative importance of the five characters of greatest relevance to the total variation of the treatments was AP (Plant Height), NFH (Number of Fertile nodes on Main Stem), NHP (Number of nodes on Main Stem), NVP (Number of Pods/Plant) and NGP (Number of Grains/Plant), with importance values of 32,66%, 17,18%, 13,27%, 10,52% and 5,84%, respectively. When the evaluation was performed within each of the groups of growth some changes were done in the relative importance of the characters, enabling the elimination of four characters for a determinate group and the elimination of six for the undetermined group. Correlations between characters have demonstrated different relationships to each growth type of group, but the features: number of pods per plant (NVP) of grain per plant number (NPM) and number of branches (NR) showed significant correlations with the mass kernels per plant (MGP) for both groups. Thus, it was possible to identify differences in the importance of characters when the study is done with different groups to growth type. Also concludes that the growth type is a characteristic that has a high influence about expression of other evaluated traits.

Keywords: diversity, growth type, breeding.

1. INTRODUÇÃO

Com uma produção mundial de 267,61 milhões de toneladas/ano, a soja [*Glycine max.* (L.) Merr.] ocupa o primeiro lugar no ranking entre as oleaginosas de maior importância no cultivo extensivo em todo o globo (USDA, 2013).

Hoje, a soja é a principal commodity cultivada no Brasil. Segundo dados da CONAB (2013), estima-se que a área de cultivo na safra 2012/2013 esteja em torno de 27,7 milhões de hectares, com uma produção estimada em 81.281,4 mil toneladas de grãos, lavando o país a ser o maior produtor da leguminosa.

Tamanho volume de produção dessa leguminosa se deve ao fato dela ser um dos mais importantes fornecedores de proteínas derivadas de vegetais, estando presente em mais de um quarto dos alimentos e da ração animal no mundo (Graham e Vance, 2003).

Até o início da década de 60, a cultura da soja no Brasil restringia-se, praticamente, ao estado do Rio Grande do Sul, desenvolvendo-se lentamente em outros estados. A partir de 1968, a expansão da lavoura ocorreu em níveis significativos em São Paulo, no Mato Grosso do Sul, em Minas Gerais e em Goiás (CFP, 1975).

O início do desenvolvimento do melhoramento da soja nas regiões tradicionais de cultivo (sul do Brasil) se basearam em introduções de linhagens desenvolvidas no Sul dos EUA, com posterior desenvolvimento de cultivares melhor adaptadas (Paludzyszyn Filho, et al., 1993), sendo, em sua grande maioria, cultivares com tipo de crescimento determinado (Muller, 1981).

O fato da maioria dos materiais apresentarem o tipo de crescimento determinado pode ter relação com uma base genética estreita nos programas nacionais de melhoramento genético. Bonetti (1983) estimou que cerca de 70% das cultivares desenvolvidas no Rio Grande do Sul descendiam das cultivares americanas Hill, Hood ou ambas. Hiromoto e Vello (1986) informaram que todas as cultivares recomendadas para semeadura no Brasil descendiam de 26 cultivares, sendo que, deste total, apenas quatro eram responsáveis por cerca da metade daquele conjunto gênico.

Apesar da estreita base genética, Priolli et al. (2004), estudando a diversidade genética da soja em diferentes períodos de melhoramento, chegaram à

conclusão de que os programas de melhoramento de soja no Brasil mantiveram a sua variabilidade ao longo dos últimos 30 anos de melhoramento, situação um pouco diferente da ocorrida nos EUA e relatada por Gizlice et al.(1993). Segundo os autores, o germoplasma norte-americano foi reduzido em aproximadamente um quarto de sua base genética original em 50 anos de melhoramento.

Por muitos anos, os programas de melhoramento de soja do país mantiveram seu foco em materiais de hábito determinado e poucos estudos quanto ao comportamento dos materiais de tipo indeterminado foram publicados.

Nesse contexto, a proposta desse trabalho é avaliar possíveis divergências entre famílias com os dois tipos de crescimento (determinado e indeterminado), oriundas de um mesmo cruzamento, em relação a vários caracteres morfológicos da soja, por meio do uso da técnica de variáveis canônicas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A Cultura da soja

Por meio de evidências históricas e geográficas, sugere-se que o centro de origem primário de diversidade genética da soja esteja localizado na região leste da Ásia, provavelmente na região Centro-Sul da República Popular da China. Sua domesticação se deu na região da Manchúria, o qual hoje constitui o centro de origem secundário de diversidade genética (Xu et al., 1986). O conhecimento do centro de origem primário e secundário da soja é importante para o sucesso dos programas de melhoramento. Frequentemente, há necessidade de buscar variabilidade genética para desenvolver cultivares que atendam às demandas de novos ideótipos de plantas e tolerância a novas doenças e pragas, que muitas vezes podem estar presentes nos centros de origem da espécie.

Sugere-se que a soja tenha sido domesticada do seu parental selvagem *G. soja* Sieb e Zucc, na China, há cerca de 5000 anos atrás, resultando em uma infinidade de variedades selvagens de soja, que foram adaptadas a ambientes climáticos diversos (Carter et al., 2004).

Atualmente, destaca-se como a oleaginosa com maiores proporções de produção no globo (USDA, 2013), sendo de grande importância para a alimentação animal e humana (Graham e Vance, 2003).

2.2. Tipo de Crescimento na Soja

O tipo de crescimento da soja é uma característica governada por dois genes: Dt_1 e Dt_2 . O genótipo dt_1dt_1 é responsável pelo tipo de crescimento determinado, o Dt_1Dt_1 pelo tipo de crescimento indeterminado. Enquanto Dt_1dt_1 expressa fenótipo semideterminado.. O gene Dt_2 na sua forma dominante também causa o fenótipo semideterminado na presença de Dt_1 ___; enquanto dt_1 é epistático em relação à Dt_2/dt_2 . O Quadro 1 apresenta as possíveis interações entre os dois genes que governam a característica, com suas respectivas expressões fenotípicas.

Um terceiro alelo do loco Dt_1 (dt_1-t) foi identificado e sua expressão fenotípica compartilha características dos dois alelos dt_1 e Dt_2 (Thompson et al., 1997).

Quadro 1 - Interações entre os genes que governam a característica tipo de crescimento em soja, com seus respectivos fenótipos

Genótipo	Fenótipo
$Dt_1Dt_1 dt_2dt_2$	Indeterminado ^{/1}
$Dt_1Dt_1 Dt_2Dt_2$	Semideterminado ^{/2}
$Dt_1Dt_1 Dt_2dt_2$	Semideterminado ^{/2}
$Dt_1dt_1 Dt_2Dt_2$	Semideterminado ^{/2}
$Dt_1dt_1 Dt_2dt_2$	Semideterminado ^{/2}
$Dt_1dt_1 dt_2dt_2$	Semideterminado ^{/3}
$dt_1dt_1 Dt_2Dt_2$	Determinado ^{/4}
$dt_1dt_1 Dt_2dt_2$	Determinado ^{/4}
$dt_1dt_1 dt_2dt_2$	Determinado ^{/4}

^{/1} Dt_1dt_2 : Causam tipo indeterminado; ^{/2} Dt_2 : Acelera a finalização do crescimento apical; ^{/3} Dt_1 : Apresenta dominância parcial sobre dt_1 ; ^{/4} dt_1 : É epistático sobre $Dt_2 dt_2$.

Liu et al. (2010) confirmaram que Dt_1 codifica a proteína GmTFL1b e que o tipo de crescimento em soja é determinado pela variação deste gene. O gene Dt_1 foi mapeado com marcadores moleculares no GL L (Tian et al., 2010; Cregan et al. 1999, Liu et al., 2007) e o gene Dt_2 foi mapeado no GL G (Muehlbauer et al., 1991; Cregan et al., 1999), que agora são designados ao cromossomo 19 e 18, respectivamente (Schmutz et al., 2010).

As cultivares de soja de tipo de crescimento determinado completam seu crescimento pouco antes da floração em áreas de cultivo. A haste principal termina com uma inflorescência racemosa e geralmente as últimas folhas apresentam similaridade com as demais. As de tipo de crescimento semideterminado continuam diferenciando o número de nós da haste principal, por um determinado período, todavia, cessa o seu crescimento com uma inflorescência racemosa terminal. As de tipo de crescimento indeterminado continuam a aumentar sua estatura por um período relativamente longo após iniciado o florescimento (Sedyama et al., 2009).

A cultura da soja é muito sensível ao comprimento do dia, ou melhor, à extensão do período de ausência de luz para a indução floral. Portanto, o efeito típico do fotoperíodo curto na soja é a redução do chamado ciclo vegetativo, compreendido como o período da emergência das plântulas até o início do florescimento. Quando uma cultivar é levada para regiões de menor latitude, ou

quando a semeadura é retardada, o resultado são plantas de menor porte, com menor altura de inserção da primeira vagem, redução da área foliar e menor produtividade (Sediyama et al., 1972). A semeadura da cultura da soja em período antecipado, ou seja, antes da melhor época de semeadura, também causa a redução do porte das plantas.

Para contornar essa problemática, os programas de melhoramento do país seguiram a estratégia de desenvolver linhagens adaptadas a baixas latitudes, por meio da incorporação da característica do período juvenil longo (Paludzyszyn Filho et al., 1993) e a recente introdução de genótipos do tipo de crescimento indeterminado, possibilitando um maior crescimento das plantas mesmo após o início do florescimento.

Kilgore-Norquest e Sneller (2000) estudaram o efeito causado pelos tipos de crescimento determinado e indeterminado em isolinhas de soja em diferentes tipos do sistema de produção americano. Para os dois cruzamentos realizados, os resultados foram similares, sendo que os materiais do tipo determinado apresentaram um crescimento reduzido e um menor grau de acamamento. Para o caráter produção de grãos os pesquisadores não obtiveram diferenças significativas entre as diferentes linhas. Em contrapartida, desde a década de 1980, o mercado americano vem demonstrando grande preferência pelos materiais de tipo indeterminado (Bramel et al., 1984).

No início do século XXI, 93% das cultivares de soja protegidas no Brasil eram de tipo de crescimento determinado (Brasil, 2002). No ano agrícola de 2010/2011, entre as 10 cultivares de soja mais semeadas, metade apresentou tipo de crescimento indeterminado e a outra metade determinado, conforme se identifica na região sul do país, ou seja, as cinco cultivares mais semeadas, foram cultivares de tipo de crescimento indeterminado. (Kleffmann e Partner, 2011).

A adoção dos produtores a essa forte tendência de uso de materiais indeterminados se deve ao fato destes materiais possibilitarem uma semeadura antecipada, com o objetivo de escapar do período de maior risco da ferrugem da soja (*Phackopsora pachyrhizi*). Além disso, a semeadura antecipada da soja pode beneficiar a semeadura do milho safrinha, uma vez que, segundo Braccini et al. (2010), a antecipação desta é uma estratégia válida para obtenção de bom desempenho agrônômico e de maiores produtividades na semeadura da segunda safra de milho.

2.3. Variáveis canônicas

A inferência sobre a diversidade genética com base em poucas variáveis tem-se mostrado inadequada, por não abranger a complexidade da interação de influências genéticas e ambientais. É evidente que são úteis a avaliação e a interpretação simultânea de um conjunto relativamente grande de caracteres, a fim de captar a maior quantidade possível de efeitos sofridos. Segundo Cruz et al. (2004), a utilização de técnicas multivariadas é a principal alternativa, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível executar uma seleção com base num complexo de variáveis, proporcionando, ainda, discriminar materiais mais promissores sob vários contextos.

Entre as técnicas multivariadas disponíveis, os componentes principais, as variáveis canônicas e a análise de agrupamento, a partir das distâncias de Mahalanobis (D^2), têm sido as mais usadas na avaliação da divergência genética presente em diversas espécies (Pereira, 1989; Peeters e Martinelli, 1989; Castineiras, 1990; Faria, 1994; Oliveira et al, 2004 e Kavalco et al, 2013).

A análise multivariada com base nas variáveis canônicas possibilita a avaliação do grau de similaridade genética entre indivíduos levando em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Quando a análise multivariada é utilizada em estudos de divergência genética, possibilita a identificação de indivíduos similares em um gráfico bi ou tridimensional, à semelhança da metodologia utilizada em componentes principais (Cruz et al. 2004).

A técnica de variáveis canônicas procura, com base num grande número de características correlacionadas, obter combinações lineares dessas características, de tal forma que a correlação entre essas variáveis seja nula (Kendall, 1950), gerando informações importantes para manutenção de recursos genéticos e uma simplificação nas coleções dos bancos de germoplasma (Arriel et al., 2006), além de auxiliar na escolha de melhores representantes da diversidade genética (Fonseca e Silva, 1999).

2.4. Correlações

A correlação é uma medida de intensidade de associação linear entre duas variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta, que pode ser negativa ou positiva. Informações sobre as correlações entre caracteres são grande relevância, pois permitem ao melhorista o conhecimento das alterações que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (Ramalho et al., 1993).

No melhoramento genético de plantas, o conhecimento das correlações entre caracteres torna-se ainda mais importante em casos em que a seleção para um determinado caráter é difícil, em virtude da baixa herdabilidade e/ou dificuldade de mensuração e identificação (Cruz et al., 2004).

Os coeficientes de correlação são adimensionais e seu valor absoluto não ultrapassa a unidade, tanto positiva quanto negativa. O coeficiente de correlação igual a zero evidencia a falta de relação linear entre duas variáveis e não a ausência de relação ou de dependência (Nogueira, 2011).

Correlações que podem ser estimadas são: fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação estimada com base nos dados diretamente mensurados é a fenotípica. Ela, por sua vez, tem duas causas: a genética e a ambiental. A principal causa da correlação genética é o pleiotropismo, propriedade pelo qual um gene influencia dois ou mais caracteres. O desequilíbrio de ligação também é causa de correlação genética, embora seja transitória, ocorrendo principalmente em populações originárias de cruzamentos divergentes (Falconer, 1987).

O ambiente é causa de correlações entre caracteres quando estes são influenciados pelas mesmas variações ambientais. Estimativas negativas de correlação ambiental indicam que o ambiente favorece a um caráter em detrimento do outro e estimativa positiva evidencia que dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas variações ambientais (Cruz et al., 2004).

Em soja, os estudos sobre correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente têm envolvido os caracteres coletados desde o florescimento até a maturação, destacando-se a produtividade e seus componentes (Akhter e Sneller., 1996; Taware et al., 1997; Wilcox e Shibles, 2001; Carvalho et al., 2002).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local de condução do experimento

O projeto foi realizado a campo, no centro de pesquisas da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (Coodetec), localizada na cidade de Cascavel-PR, latitude 24°57'21"S, altitude de 781 m, no ano agrícola de 2011/2012, tendo sido instalado em 28/10/2011.

3.2. Material genético

Foram utilizadas 33 famílias F2:4, oriundas do cruzamento das cultivares CD 235RR x RA 518RR, e seis testemunhas comerciais, totalizando 39 tratamentos.

No Quadro 2, está presente o tipo de crescimento das famílias e das testemunhas utilizadas para o estudo.

Quadro 2. Tipo de crescimento esperado para cada tratamento avaliado no experimento. Cascavel – PR, 2011

Material genético	Tipo de crescimento esperado
CD 235RR ^{/1}	Determinado
RA 518RR ^{/1}	Indeterminado
BMX Apollo RR ^{/2}	Indeterminado
CD 206RR ^{/2}	Determinado
CD 214RR ^{/2}	Determinado
CD 225RR ^{/2}	Indeterminado
11 Famílias F2:4	Determinado
22 Famílias F2:4	Indeterminado

^{/1} = Genitor das famílias F2:4 e testemunha do experimento.

^{/2} = Testemunha do experimento.

Na geração F2, as plantas foram conduzidas em casa-de-vegetação e colhidas individualmente, dando origem a linhas F2:3, que foram semeadas na safra 2010/2011. As linhas que apresentaram homozigose para a característica tipo de crescimento, ou seja, homozigose para a caracterítca, e uma boa homogeneidade

visual entre as plantas da linha deram origem às sementes F2:4, as quais foram utilizadas no presente trabalho.

3.3. Delineamento experimental

Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições em esquema hierárquico, sendo os dois fatores de tipo de crescimento os fatores hierarquizados.

O esquema hierárquico é utilizado quando não há possibilidade de distribuir igualmente os fatores a serem estudados em todos os tratamentos, como é possível ser realizado no modelo fatorial. Nesse caso, os fatores a serem considerados são os dois diferentes tipos de crescimento nos 39 tratamentos estudados.

A unidade experimental adotada foi constituída de quatro linhas de seis metros, espaçadas a 0,50m e densidade de doze plantas por metro linear, considerando apenas como área útil as duas linhas centrais, descontando-se 0,5m de cada extremidade da parcela.

3.4. Avaliação de caracteres

Para compor o conjunto de dados que foram avaliados no presente estudo fez-se a aferição de vários caracteres morfológicos da soja.

No estágio de florescimento, foi avaliada a altura ao florescimento (AF) em centímetros (cm), tomando como base a média de alturas das plantas na parcela.

No estágio de maturação fisiológica (R7), foram escolhidas 10 plantas aleatoriamente nas linhas centrais da parcela para avaliação dos seguintes caracteres:

- Altura de planta na maturação (AP).
- Altura de inserção da primeira vagem (AI).
- Diâmetro da haste (DH), aferida à altura do nó cotiledonar (mm).
- Número de nós na haste principal (NHP).
- Número de nós férteis na haste principal (NFH).
- Número de vagens na haste principal (NVH).
- Número de vagens por planta (NVP).
- Número de grãos por planta (NGP).

- Número de grãos por vagem (NGV).
- Número de ramos por planta (NR).
- Massa de grãos por planta (MGP), em gramas (g).
- Massa de 1000 grãos (MMG), corrigidas para 13% de umidade e aferida em gramas (g).

A Característica MMG foi estimada com base na quantidade e na massa de sementes produzidas por cada planta, extrapolando assim os dados para a massa de 1000 grãos. A umidade foi aferida por meio do medidor universal, utilizando um bulk de grãos das 10 plantas escolhidas para a avaliação.

Para fins de análise estatística, foram utilizadas as médias das dez plantas amostradas.

Os caracteres de DH, NR e AF sofreram transformação para $(X+0,5)^{1/2}$ e o caractere NGV sofreu transformação $\text{Log } X+1$, para atenderem aos pressupostos da análise de variância.

Após a maturação fisiológica, foi efetuada a colheita da área útil da parcela e avaliado o Rendimento de Parcela (RP), em gramas (g), corrigido para 13% de umidade (Brasil, 2009).

3.5. Modelo da análise de variância

As análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio do aplicativo computacional Genes, versão 2007 (Cruz, 2007).

Foi efetuada a análise de variância para cada caráter, buscando constatar possíveis diferenças significativas entre os diferentes tratamentos e entre os diferentes grupos de tipo de crescimento seguindo o modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + (G/A)_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} = Observação na parcela do K-ésimo bloco, referente ao genótipo j dentro do i-ésimo grupo.

μ = média geral do ensaio.

A_i = efeito fixo do i-ésimo grupo (Tratamentos) ($i = 1, 2, \dots, a$).

$(G / A)_{ij}$ = efeito fixo do j-ésimo sub-grupo (Tipos de Crescimento) dentro do i-ésimo grupo (Tratamentos) ($j = 1, 2, \dots, g_i$).

B_k = efeito aleatório do k-ésimo bloco ($k=1, 2, \dots, r$) e

ε_{ijk} = erro aleatório atribuído à parcela ijk

O Quadro 3 apresenta o quadro da análise de variância para o modelo matemático acima apresentado.

Quadro 3 -. Modelo da análise de variância em blocos casualizados em esquema hierárquico com dois fatores, com seus respectivos graus de liberdade (GL), soma de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e F calculado para cada fonte de variação (FV) da análise

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	$r - 1$	$SQ_{\text{bloc.}}$	$QM_{\text{bloc.}}$	$QM_{\text{bloc.}}/QM_{\text{erro}}$
Tratamentos	$t - 1$	SQ_{trat}	QM_{trat}	$QM_{\text{trat.}}/QM_{\text{erro}}$
<i>Determinadas</i>	$(d - 1)$	SQ_{Det}	QM_{Det}	$QM_{\text{Det.}}/QM_{\text{erro}}$
<i>Indeterminadas</i>	$(i - 1)$	SQ_{Ind}	QM_{Ind}	$QM_{\text{Ind.}}/QM_{\text{erro}}$
<i>Det vs. Ind.</i>	$(g - 1)$	$SQ_{\text{trat}} - (SQ_{\text{Det}} + SQ_{\text{Ind}})$	$QM_{\text{contraste}}$	$QM_{\text{contraste}}/QM_{\text{erro}}$
<i>Resíduo</i>	$(r - 1)(t - 1)$	SQ_{erro}	QM_{erro}	
TOTAL	$tr - 1$	SQ_{total}		

r = número de repetições; t = número de tratamentos; d = número de tratamentos pertencente ao grupo das Determinadas; i = número de tratamentos pertencente ao grupo de materiais indeterminados; *Det vs. Ind* = contraste entre os grupos dos Determinados vs. Indeterminados.

Com os dados médios de cada variável, foi possível aplicar o teste de Scott-Knott (1974), buscando o agrupamento das médias para cada característica avaliada.

3.6. Análise de dissimilaridade genética por meio de variáveis canônicas

Com o intuito de verificar a divergência genética entre os materiais avaliados, foi efetuado o estudo de variáveis canônicas.

A análise discriminante canônica é uma técnica da estatística multivariada que permite a redução da dimensionalidade de dados, semelhante a componentes principais e correlações canônicas. Essa técnica é especialmente empregada em

análises discriminantes, realizadas a partir de amostras com observações repetidas. A análise procura, com base em um grande número de características originais correlacionadas, obter combinações lineares dessas características, denominadas variáveis canônicas, de tal forma que a correlação entre essas variáveis seja nula (Khattree e Naik, 2000).

O estudo da divergência genética por variáveis canônicas, relatada por Rao (1952), trata de um processo alternativo para avaliação do grau de similaridade genética entre indivíduos e possibilita ser avaliada em gráficos bi ou tridimensionais. Seu princípio está na transformação das variáveis originais em outro conjunto de mesma dimensão, mas cujas variáveis, agora transformadas em variáveis canônicas, formam um supercaracter, com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo de informação em termo de variação contida nos dados originais. Ou seja, estes supercaracteres são formados de modo a reter nos mesmos a máxima variância, tendo assim grande importância para o uso no melhoramento.

As variáveis canônicas possuem a mesma técnica de componentes principais, porém possui a vantagem adicional de manter o princípio do processo de agrupamento, com base na distância de Mahalanobis, seja, o princípio de levar em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos indivíduos avaliados (Cruz et al., 2004).

A técnica de variáveis canônicas consiste na transformação de um conjunto de p caracteres em um conjunto de p novas variáveis não correlacionadas e com as seguintes propriedades:

- (1) Cada variável canônica (VC_v) é uma combinação linear das características originais (x_r); ou seja:

$$VC_v = a_1 X_1 + a_2 X_2 + \dots + a_n X_n$$

- (2) Dentre todas as variáveis canônicas, VC₁ apresenta a maior variância; VC₂, a segunda maior variância; e assim por diante até completar o conjunto das p VC's, isto é:

$$V(VC_1) > V(VC_2) > \dots > V(VC_p)$$

em que:

V = variância da variável canônica

(3) As estimativas dos coeficientes de cada característica são ponderadas pela influência das respectivas variâncias e covariâncias residuais, ou seja:

$$\sum_r \sum_{r1} a_{1r} a_{1r} \sigma_{rr'} = \sum_r \sum_{r1} a_{2r} a_{2r} \sigma_{rr'} = \sum_r \sum_{r1} a_{pr} a_{pr} \sigma_{rr'} = 1$$

em que:

$$\sigma_{rr'} = \text{covariância residual entre características } r \text{ e } r'.$$

(4) A independência das combinações lineares formadas também é ponderada pelas variâncias e covariâncias residuais, isto é:

$$\sum_r \sum_{r1} a_{vr} a_{v'r'} \sigma_{rr'} = 0$$

As variáveis canônicas com estas propriedades podem ser obtidas pela solução do sistema:

$$(T - \lambda_v S) a_{\sim v} = \Phi$$

Ou como $a_{\sim v} \neq \Phi$, pode-se resolver o sistema:

$$\det(T - \lambda_v S) = 0 \quad \text{ou} \quad \det(S^{-1}T - \lambda_v I) = 0$$

em que:

S = matriz de variâncias e covariâncias residuais.

T = matriz de variâncias e covariâncias entre as médias estimadas dos tratamentos.

λ_v = Autovalores da matriz $S^{-1} - T$.

$a_{\sim v}$ = autovetores associados aos autovalores λ_v .

Assim, os autovalores correspondem às variâncias das variáveis canônicas e os autovetores referem-se aos coeficientes das características originais da respectiva variável canônica.

A viabilidade do uso de variáveis canônicas em gráficos de dispersão está restrita à concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis canônicas. Em geral, as variáveis canônicas têm sido utilizadas para o estudo de divergência quando envolvem pelo menos 80% da variância total (Cruz et al., 2004).

Com a finalidade de verificar o grau de importância dos caracteres avaliados, frente à magnitude da variação total das características, foi realizado o teste proposto por Singh (1981). O interesse nesta avaliação está na possibilidade de se detectar caracteres que contribuem mais para a discriminação do material avaliado, reduzindo assim tempo e custo nos programas de melhoramento e, neste caso específico, podendo nortear o melhorista para que tenha mais atenção aos caracteres de maior importância para manutenção da variabilidade dentro dos dois grupos avaliados no momento de seleção.

Os coeficientes de correlação fenotípica (r_p) foram estimados pela seguinte expressão:

$$r_p = COV_p (XY) / [V_p (X) \cdot V_p (Y)]^{1/2}$$

em que:

r_p = estimador do coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres X e Y .

$COV_p (XY)$ = estimador da covariância fenotípica entre os caracteres X e Y .

$V_p (X)$ = estimador da variância fenotípica de X .

$V_p (Y)$ = estimador da variância fenotípica de Y .

n = número de pares de observações.

Considerando ser a covariância fenotípica a soma das covariâncias genotípicas e de ambiente (Falconer, 1987), foi possível estimar as correlações genotípicas e de ambiente pelas seguintes expressões:

$$r_g = COV_g (XY) / [V_g (X) \cdot V_g (Y)]^{1/2}$$
$$r_e = COV_e (XY) / [V_e (X) \cdot V_e (Y)]^{1/2}$$

em que:

rg = estimador do coeficiente de correlação genotípica entre os caracteres X e Y .

re = estimador do coeficiente de correlação de ambiente entre os caracteres X e Y .

$COVg (XY)$ = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y , obtido por:

$$[COVp (XY) - COVe (XY)] / r$$

$Vg (X)$ e $Vg (Y)$ = estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y , obtidos, respectivamente, por:

$$Vg (X) = [Vp (X) - Ve (X)] / r \text{ e } Vg (Y) = [Vp (Y) - Ve (Y)] / r$$

em que:

r = número de repetições.

$COVe (XY)$ = produto médio do erro entre os caracteres X e Y .

$Ve (X)$ e $Ve (Y)$ = quadrados médios do erro, respectivamente, para o caráter X e para o caráter Y .

Foi utilizado o teste t para verificar o nível de significância das diversas estimativas dos coeficientes de correlação obtidos. Os graus de liberdade foram obtidos com base no número de pares de observações - número de cultivares. As análises foram realizadas utilizando o programa Computacional Genes, versão 2007 (Cruz, 2007).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância para os tratamentos, os respectivos grupos de crescimento e o contraste entre os mesmos estão apresentados no Quadro 4.

De modo geral, os coeficientes de variação do experimento foram relativamente baixos, apresentando valores inferiores a 15% na maioria das características testadas. Apenas os caracteres de número de vagens por planta (NVP), número de grãos por planta (NGP) e massa de grãos por planta (MGP) apresentaram coeficientes de variação superior a 15%, sendo estes de 17,10%, 16,60% e 17,07%, respectivamente.

Entre os caracteres avaliados, para efeito de tratamentos, todos apresentaram diferenças significativas em nível de 1% de probabilidade pelo teste F, com exceção da característica MGP, que foi significativa a 5% de probabilidade. Diferenças significativas para efeito de tratamento indicam que existe variabilidade entre os mesmos para a característica em estudo.

Os genótipos pertencentes ao grupo de materiais determinados revelou significância em nível de 1% de probabilidade para as características de AP, AI, NHP, NFH, NVH, NVP, NGP, NGV, NR, MGP, MMG, RP e AF. A característica DH apresentou efeito significativo em nível de 5% de probabilidade.

Para o efeito do grupo de materiais indeterminados, foi detectado o efeito significativo em nível de 1% de probabilidade para as variáveis respostas AP, AI, NHP, NFHP, NVH, NGP, NGV, NR, MMG, RP e AF; efeito significativo a 5% de probabilidade para o caráter NVP e não significância para DH e MGP.

Para o efeito de contraste entre os dois grupos, foi possível obter diferenças significativas a 1% de probabilidade para as características AP, AI, DH, NHP, NFH, NVH, NVP, NGP, NGV, MMG e RP. Efeitos significativos a 5% de probabilidade para o caráter AF e não significância para os caracteres NR e MGP também foram observados. Diferenças significativas para o contraste indicam que houve diferenças entre os grupos avaliados.

A presença de efeitos significativos para os caracteres estudados nas diferentes fontes de variação propostas para esse estudo indica a possibilidade do uso de técnicas multivariadas para avaliação da divergência genética entre os

genótipos avaliados. Constatada essa possibilidade, é possível prosseguir com os métodos de avaliação propostos.

Os coeficientes de herdabilidade (h^2), ou coeficiente genético que expressa a relação entre a variação genotípica e a variação fenotípica, ou seja, mede o nível de correspondência entre o valor do fenótipo e o valor genético, apresentaram valores superiores a 60% para a maioria das características avaliadas, variando de 68,60% para NGV a 98,65% para AP. Apenas as características DH e MGP apresentaram valores inferiores a 60%, sendo estes de 54,02% e 49,19%, respectivamente.

Elevados valores de herdabilidade indicam uma maior contribuição da variância genética em relação à variância fenotípica, tornando assim a expressão fenotípica uma excelente guia para seleção do valor genético dos tratamentos avaliados.

Segundo Falconer (1987), a herdabilidade de um caráter refere-se a uma população particular, sob dada condição de ambiente. Os valores estabelecidos em algumas populações, sob outras circunstâncias, serão mais ou menos os mesmos se a estrutura da população e as condições ambientais forem aproximadamente iguais.

As estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade somente se aplicam à população que lhes deu origem e às condições ambientais que influenciaram a população. Qualquer generalização pode resultar em erro. Assim, experimentos com a finalidade de obtenção de estimativas de herdabilidade devem ser conduzidos em um ambiente semelhante ao qual as estimativas serão aplicadas. Neste caso, as estimativas da variância genética não serão inflacionadas pelos componentes da variância da interação entre genótipo e ambiente, componentes que estarão incluídos na variância fenotípica (Borém, 1998).

De maneira geral, a produção de grãos é um caráter que apresenta baixa herdabilidade e pode ser atribuída ao comportamento puramente quantitativo desse caráter, em função do grande número de genes que o controlam, permitindo maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre a variância genética e fenotípica. No entanto, autores observaram estimativas de herdabilidade de moderadas a altas para o caráter produção de grãos (Srivastava e Jain, 1994; Santos et al., 1995; Taware et al., 1995), corroborando os resultados desse estudo.

Quadro 4 - Resumo da análise de variância com os respectivos valores de quadrado médio para os caracteres avaliados nos tratamentos, grupo determinado, grupo indeterminado e o contraste entre os mesmos. Cascavel-PR, 2011

F.V.	GL	Quadrado Médio						
		(AP)	(AI)	(DH)	(NHP)	(NFH)	(NVH)	(NVP)
Blocos	2	17,7387	1,8365	0,0073	0,1901	0,0095	29,5310	265,0164
Tratamentos	38	964,8002**	55,9857**	0,0293**	37,2638**	32,5637**	77,8717**	529,3165**
<i>Det.</i>	(13)	461,0905**	29,1028**	0,0274*	5,5594**	5,1613**	116,9456**	579,9068**
<i>Ind.</i>	(24)	417,9353**	41,1180**	0,0223 ^{ns}	5,5407**	5,8441**	36,7069**	215,9202*
<i>Det. vs Ind</i>	(1)	20637,7833**	762,2878**	0,02234**	1210,7769**	1030,0642**	557,8651**	7393,1516**
Resíduo	76	25,4479	5,9057	0,0136	1,7316	1,6251	14,9201	124,0257
Média		94,4	21,64	2,78	20,29	18,58	41,32	65,12
CV(%)		5,34	11,22	4,23	6,48	6,86	9,34	17,10
h²(%)		98,65	91,38	54,02	97,98	97,37	81,73	79,33

F.V.	GL	Quadrado Médio						
		(NGP)	(NGV)	(NR)	(MGP)	(MMG)	(RP)	(AF)
Blocos	2	508,5344	0,0059	0,2024	11,1413	25,5347	2830,5222	0,5807
Tratamentos	38	1553,7138**	0,0149**	0,1545**	24,6133*	472,3640**	295357,9232**	0,7712**
<i>Det.</i>	(13)	2034,0419**	0,0192**	0,1883**	35,6329**	513,2011**	241376,9092**	1,1993**
<i>Ind.</i>	(24)	1128,0098**	0,0115**	0,1415**	19,4989 ^{ns}	275,7114**	318488,5041**	0,5531**
<i>Det. vs Ind</i>	(1)	5526,3464**	0,0451**	0,02589 ^{ns}	4,1034 ^{ns}	4661,1439**	441977,1615**	0,4404*
Resíduo	76	514,6438	0,0053	0,0441	13,2553	46,5301	30351,5403	0,0885
Média		136,64	2,13	1,86	21,33	157,89	1752,72	8,88
CV(%)		16,60	3,42	11,23	17,07	4,32	9,93	3,35
h²(%)		69,55	68,70	69,89	49,19	90,94	87,42	88,29

** , * , ^{ns} = significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F e não significativo, respectivamente.

AP = Altura de Planta; AI = Altura de Inserção da Primeira Vagem, DH = Diâmetro da Haste; NHP = Número de nós na Haste Principal, NFH = Número de nós Férteis na Haste Principal; NVH = Número de Vagens na Haste Principal; NVP = Número de Vagens na Planta; NGP = Número de Grãos por Planta; NGV = Número de Grãos por Vagem; NR = Número de Ramos; MGP = Massa de Grãos por Planta; MMG = Massa de 1000 Grãos; RP = Rendimento de Parcela; AF = Altura ao Florescimento. CV(%) = Coeficiente de variação experimental. h² = Herdabilidade.

Evidenciada as diferenças significativas para os tratamentos na análise de variância, com o intuito de esclarecer as respostas destas diferenças, foi aplicado o teste de Scott-Knott no conjunto de tratamentos, dados apresentados nos Quadros 5 e 6.

Com os dados de agrupamento para cada característica avaliada, foi possível identificar uma tendência de agrupamento de acordo com o tipo de crescimento no primeiro grupo separado pelo método. Os caracteres AP, AI, DH, NHP, NFH, MMG e RP apresentaram notória dominância da participação de tratamentos com tipo de crescimento indeterminado no primeiro agrupamento pelo método. O mesmo aconteceu para tratamentos do grupo determinado nas características NVH e NVP.

Para as variáveis de NGP, NGV, NR, MGP e AF, não foi possível observar uma tendência de agrupamento relacionada aos diferentes tipos de crescimento.

Perini et al. (2012), estudando os componentes da produção em cultivares de soja, observaram que as cultivares com tipo de crescimento determinado diferem das de crescimento indeterminado no quesito altura de planta, porém os componentes de rendimento não apresentaram associação com o tipo de crescimento. Estes resultados divergem um pouco das respostas encontradas no presente estudo.

O método de agrupamento de Tocher agrupou os 39 tratamentos estudados em nove grupos distintos, conforme apresentado no Quadro 7. Os grupos 1 e 2 apresentam um maior número de indivíduos de 20 e 10, respectivamente. É importante relatar que 100% dos indivíduos pertencentes ao grupo 1 apresentam o tipo de crescimento Indeterminado e 100% dos indivíduos pertencentes ao grupo 2 apresentam o tipo de crescimento Determinado.

Com essa constatação, é possível observar que, nestes genótipos avaliados, há uma tendência muito forte de agrupamento com base no tipo de crescimento. Isso nos revela que o tipo de crescimento pode influenciar fortemente os demais caracteres avaliados. Também é possível constatar que os genitores (CD 235RR e RA 518RR) envolvidos no cruzamento não se agruparam com nenhum de seus descendentes, demonstrando que a dissimilaridade entre os dois foi suficiente para gerar indivíduos distintos de seus genitores para a maioria dos caracteres avaliados.

Quadro 5 - Agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott (1974) para as características altura de planta (AP), altura de inserção da primeira vagem (AI), diâmetro da haste (DH), número de nós na haste principal (NHP), número de nós férteis na haste principal (NFH), número de vagens na haste principal (NVH) e número de vagens por planta (NVP). Cascavel, 2011

	AP			AI			DH			NHP			NFH			NVH			NVP		
	Trat	Média ¹		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média	
22	121,3	A	12	30,5	A	2	3,00	A	11	24,9	A	2	23,3	A	24	56,7	A	1	101,8	A	
25	117,6	A	25	29,1	A	9	2,95	A	12	24,7	A	11	22,6	A	37	53,0	A	4	94,2	A	
12	116,6	A	19	28,0	A	12	2,93	A	26	24,3	A	12	22,5	A	39	50,3	A	37	87,7	A	
19	115,9	A	26	27,3	A	19	2,92	A	25	24,0	A	26	22,5	A	18	48,3	B	24	85,0	B	
38	114,1	A	22	27,0	A	26	2,92	A	8	23,8	A	25	22,3	A	30	46,3	B	23	83,2	B	
26	113,7	A	29	26,5	A	22	2,89	A	2	23,8	A	19	21,7	A	3	46,1	B	2	78,5	B	
20	113,6	A	36	26,2	A	24	2,87	A	30	23,5	A	8	21,7	A	5	44,8	B	18	78,1	B	
8	110,5	B	14	26,2	A	30	2,86	A	19	23,5	A	7	21,6	A	28	44,4	B	12	77,0	B	
17	109,7	B	20	25,6	B	7	2,85	A	27	23,4	A	14	21,6	A	32	44,1	B	6	76,5	B	
27	108,4	B	11	25,3	B	27	2,84	A	14	23,4	A	30	21,5	A	23	43,7	B	13	73,9	B	
11	108,3	B	9	24,8	B	1	2,83	A	29	23,4	A	9	21,4	A	1	43,6	B	10	73,6	B	
29	107,7	B	8	24,8	B	6	2,83	A	9	23,4	A	27	21,3	A	8	43,2	B	9	69,5	C	
30	107,0	B	16	24,8	B	15	2,82	A	7	23,3	A	29	21,3	A	25	42,6	C	39	69,0	C	
9	104,0	C	27	24,0	B	17	2,82	A	22	22,8	B	22	20,9	A	2	42,6	C	5	68,3	C	
16	103,5	C	30	23,4	B	4	2,82	A	38	22,7	B	32	20,6	B	27	41,3	C	22	67,7	C	
28	103,2	C	17	22,7	B	21	2,80	A	32	22,5	B	38	20,3	B	11	41,3	C	17	65,3	C	
15	102,9	C	21	22,5	B	13	2,79	A	31	22,1	B	31	20,3	B	13	41,3	C	7	64,7	C	
14	102,6	C	28	21,9	C	11	2,79	A	20	22,0	B	21	19,9	B	7	41,2	C	26	64,1	C	
31	102,4	C	32	21,8	C	31	2,79	A	28	21,9	B	28	19,9	B	17	41,1	C	3	64,0	C	
32	101,8	C	31	21,4	C	29	2,79	A	17	21,8	B	20	19,8	B	29	40,8	C	33	63,1	C	
21	97,6	D	15	20,8	C	16	2,79	A	15	21,8	B	17	19,8	B	22	40,7	C	28	62,3	C	
37	96,9	D	35	20,7	C	32	2,78	A	21	21,7	B	15	19,8	B	36	40,6	C	32	61,4	C	
39	96,1	D	37	20,6	C	33	2,77	A	16	21,3	B	16	19,0	C	4	40,5	C	30	60,0	C	
7	94,2	D	10	20,1	C	28	2,77	A	35	20,6	B	35	18,7	C	26	40,3	C	31	59,4	C	
36	93,4	D	2	20,0	C	36	2,76	B	34	19,0	C	37	17,9	C	33	40,3	C	27	59,3	C	
2	88,3	E	7	19,9	C	3	2,75	B	37	18,9	C	34	17,3	D	31	39,9	C	19	57,9	C	
10	82,0	F	5	19,7	C	20	2,74	B	36	17,6	C	36	15,7	E	34	39,6	C	25	57,5	C	
5	79,0	F	39	18,6	C	8	2,73	B	10	16,4	D	10	15,3	E	12	39,4	C	11	57,2	C	
33	77,0	G	13	18,0	D	25	2,72	B	1	16,2	D	1	15,3	E	20	39,2	C	8	56,8	C	
35	75,5	G	38	17,9	D	34	2,72	B	5	16,1	D	33	14,5	F	10	38,7	C	34	56,5	C	
24	75,0	G	33	17,9	D	39	2,71	B	33	16,0	D	13	14,3	F	19	37,5	D	20	55,7	C	
34	74,5	G	6	17,3	D	35	2,70	B	39	15,8	D	5	14,3	F	14	36,1	D	29	54,5	C	
13	72,4	G	23	17,3	D	14	2,69	B	24	15,8	D	24	14,1	F	9	35,9	D	21	50,6	C	
23	71,4	G	1	16,8	D	23	2,66	B	13	15,6	D	23	14,1	F	16	35,6	D	16	50,5	C	
1	71,1	G	3	16,0	D	38	2,65	B	6	15,3	D	39	13,9	F	21	35,5	D	36	48,8	C	
18	70,8	G	18	16,0	D	18	2,62	B	23	15,0	E	6	13,7	F	15	35,1	D	15	48,0	C	
3	63,1	H	24	15,9	D	37	2,61	B	18	15,0	E	18	13,5	F	38	34,8	D	14	47,9	C	
4	60,1	H	34	13,7	D	5	2,60	B	3	14,9	E	3	13,4	F	6	33,4	D	35	45,6	C	
6	58,4	H	4	12,9	D	10	2,58	B	4	13,4	E	4	12,9	F	35	31,5	D	38	44,6	C	

¹= Médias na mesma coluna seguidas pela mesma letra não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott. Tratamentos hachurados = Determinados.

Quadro 6 - Agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott (1974) para as características número de grãos por planta (NGP), número de grãos por vagem (NGV), número de ramos (NR), massa de grão por planta (MGP), massa de mil grãos (MMG), rendimento de parcela (RP) e altura ao florescimento (AF). Cascavel, 2011

NGP			NGV			NR			MGP			MMG			RP			AF		
Trat	Média ¹		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média		Trat	Média	
1	195,2	A	1	2,29	A	12	2,37	A	2	27,6	A	14	181,8	A	17	2526,6	A	39	9,86	A
2	182,1	A	2	2,26	A	9	2,23	A	1	27,6	A	28	175,6	A	27	2400,3	A	36	9,69	A
4	179,2	A	4	2,25	A	37	2,20	A	4	26,9	A	29	173,9	A	24	2381,5	A	22	9,60	A
12	166,4	A	12	2,22	A	1	2,20	A	24	26,4	A	22	173,8	A	31	2365,1	A	38	9,51	A
24	165,0	A	24	2,21	A	2	2,17	A	22	24,6	A	25	171,3	A	32	2229,6	B	37	9,51	A
23	161,1	A	37	2,20	A	4	2,13	A	9	24,5	A	27	170,9	A	34	2179,5	B	26	9,42	A
18	159,8	A	23	2,20	A	17	2,07	A	7	23,9	A	36	170,2	A	26	1996,4	B	12	9,42	A
37	159,6	A	18	2,20	A	26	2,03	A	17	23,7	A	26	169,4	A	13	1924,9	C	17	9,34	A
17	157,4	A	17	2,20	A	22	2,03	A	12	23,5	A	20	168,7	A	4	1855,5	C	20	9,25	A
7	153,2	A	7	2,19	A	20	2,03	A	13	23,0	A	34	167,5	A	30	1839,0	C	19	9,24	A
6	149,3	A	6	2,17	A	7	2,03	A	6	23,0	A	19	167,5	A	28	1821,3	C	10	9,16	B
9	148,3	A	9	2,17	A	10	1,97	A	26	22,5	A	16	167,2	A	8	1814,9	C	31	9,06	B
32	145,1	A	32	2,16	A	6	1,97	A	27	22,4	A	9	166,7	A	29	1800,7	C	29	9,06	B
22	143,0	A	13	2,15	B	31	1,93	A	8	21,9	B	13	165,8	A	2	1750,3	C	14	9,06	B
13	139,9	B	11	2,14	B	23	1,90	A	31	21,7	B	33	164,0	B	14	1743,8	C	16	9,05	B
11	138,8	B	22	2,14	B	16	1,90	A	23	21,6	B	31	162,2	B	7	1741,8	C	25	8,97	B
5	137,1	B	5	2,14	B	13	1,90	A	32	21,5	B	24	161,5	B	18	1734,2	C	13	8,97	B
8	135,3	B	8	2,13	B	27	1,87	B	18	21,5	B	15	160,9	B	22	1729,9	C	32	8,96	B
31	133,8	B	31	2,13	B	8	1,87	B	28	21,4	B	2	160,7	B	33	1720,8	C	8	8,96	B
27	132,9	B	3	2,12	B	21	1,83	B	37	21,3	B	35	160,4	B	20	1713,2	C	24	8,88	B
10	132,8	B	26	2,12	B	19	1,83	B	11	21,0	B	8	159,9	B	15	1706,3	C	15	8,88	B
3	132,2	B	27	2,12	B	30	1,80	B	19	20,9	B	38	156,4	B	11	1689,5	C	5	8,88	B
26	132,1	B	10	2,12	B	28	1,80	B	10	20,8	B	7	156,4	B	23	1682,2	C	27	8,87	B
39	125,1	B	39	2,10	B	25	1,80	B	20	20,7	B	10	156,1	B	12	1659,8	C	33	8,86	B
21	125,0	B	21	2,10	B	18	1,80	B	29	20,6	B	6	154,0	C	6	1652,9	C	30	8,78	B
19	124,7	B	19	2,10	B	11	1,80	B	16	20,3	B	30	153,4	C	3	1652,1	C	11	8,78	B
20	123,4	B	20	2,09	B	32	1,77	B	15	19,4	B	21	151,8	C	35	1626,9	C	9	8,78	B
28	122,5	B	16	2,09	B	33	1,73	B	33	19,0	B	11	151,3	C	39	1620,6	C	21	8,69	B
16	121,4	B	30	2,08	B	15	1,73	B	21	19,0	B	17	150,4	C	37	1607,0	C	28	8,68	B
30	120,6	B	28	2,08	B	29	1,70	B	3	18,8	B	4	149,7	C	5	1602,3	C	18	8,68	B
29	120,4	B	29	2,08	B	14	1,70	B	34	18,8	B	32	148,6	C	21	1579,2	C	1	8,49	C
15	119,9	B	15	2,08	B	39	1,67	B	5	18,6	B	3	144,3	D	25	1554,1	C	3	8,29	C
33	117,4	B	33	2,06	B	24	1,67	B	30	18,5	B	1	142,5	D	16	1534,1	C	35	8,19	C
34	111,6	B	34	2,04	B	5	1,67	B	25	18,5	B	39	142,3	D	38	1493,1	D	23	8,19	C
35	108,9	B	35	2,04	B	34	1,60	B	39	17,9	B	12	141,6	D	1	1360,7	D	4	8,19	C
38	108,0	B	38	2,03	B	35	1,53	B	35	17,6	B	5	135,6	D	10	1307,9	D	2	8,19	C
25	107,5	B	25	2,03	B	3	1,53	B	14	17,4	B	37	134,6	D	19	1290,8	D	34	8,09	C
36	97,2	B	36	1,99	B	38	1,40	B	38	16,8	B	23	134,4	D	36	1250,6	D	7	8,09	C
14	95,8	B	14	1,98	B	36	1,40	B	36	16,6	B	18	134,3	D	9	1216,8	D	6	7,56	D

¹ = Médias na mesma coluna seguidas pela mesma letra não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott. Tratamentos hachurados = Determinados.

Do ponto de vista de um melhorista, a divergência genética entre os genitores é um fator benéfico para o melhoramento da cultura, pois a combinação destes pode gerar variabilidade dentro de um programa de melhoram. ento, fato este constatado nesse estudo envolvendo essa combinação de genitores

Quadro 7 - Agrupamento dos genótipos de soja (famílias F2:4 e testemunhas) estabelecido pelo método de Tocher a partir das distâncias de Mahalanobis e os respectivos tipos de crescimento encontrado dentro de cada grupo. Cascavel-PR, 2011

Grupos	Genótipos	Tipo de Crescimento
1	27 - 29 - 8 - 31 - 32 - 21 - 15 - 16 - 9 - 20 - 17 - 26 - 11 - 19 - 30 - 7 - 28 - 25 - 22 - 14	Indeterminado
2	13 - 33 - 5 - 18 - 23 - 1 - 4 - 3 - 6 - 24	Determinado
3	BMX Apollo RR e RA 518RR	Indeterminado
4	10 e CD 214RR	Determinado
5	CD 235RR	Determinado
6	CD 206RR	Determinado
7	2	Indeterminado
8	12	Indeterminado
9	CD 225RR	Indeterminado

A redução da dimensionalidade proporcionada pela técnica de variáveis canônicas encontra-se ilustrada no Quadro 8. Pode-se observar que houve redução para duas dimensões e as duas primeiras variáveis canônicas foram responsáveis pela explicação de 79,84% da variação total, valor este muito próximo dos 80% sugerido para traçar o gráfico de dispersão dos genótipos avaliados em um plano bi-dimensional. A Figura 1 apresenta essa dispersão gráfica dos 39 materiais avaliados em função das duas primeiras variáveis canônicas estudadas.

A eliminação de caracteres de baixa importância para a variação total é feita observando-se o maior coeficiente de ponderação em módulo na última variável canônica. Dessa forma, o Quadro 9 apresenta as variáveis canônicas estabelecidas pela combinação linear das 14 variáveis padronizadas.

Quadro 8 - Estimativa das variâncias dos autovalores associados às variáveis canônicas (VC) juntamente com suas importâncias relativas e acumuladas, obtidas de quatorze caracteres avaliados em 39 genótipos de soja. Cascavel-PR 2011

Variável canônica	Variância (autovalores)	Variância %	Variância % acumulada
VC 1	54,829	68,619	68,62
VC 2	8,962	11,216	79,84
VC 3	4,875	6,101	85,94
VC 4	3,727	4,665	90,60
VC 5	2,136	2,673	93,27
VC 6	1,703	2,132	95,41
VC 7	1,039	1,301	96,71
VC 8	0,867	1,085	97,79
VC 9	0,528	0,660	98,45
VC 10	0,423	0,529	98,98
VC 11	0,302	0,378	99,36
VC 12	0,244	0,306	99,67
VC 13	0,171	0,214	99,88
VC 14	0,097	0,121	100

O coeficiente de maior magnitude em valor absoluto na última variável canônica é o valor de -5,046, referente à característica MGP, sendo assim a de menor importância para contribuição na variância total, portando indicada para exclusão do banco de dados. Após a exclusão de MGP, gerou-se nova análise de variáveis canônicas com treze caracteres restantes.

Para o presente estudo, a exclusão do caráter MGP não foi possível devido ao fato da nova análise apresentar redução das estimativas dos autovalores associadas às duas primeiras variáveis canônicas, aumentando o grau de distorção do gráfico bidimensional. Além disso, a exclusão dessa variável acarreta no desarranjo dos grupos previamente formados pelo método de agrupamento de Tocher e, segundo Cruz (2006), uma variável realmente passível de descarte é aquela cuja sua exclusão não altera o padrão de agrupamento previamente formado.

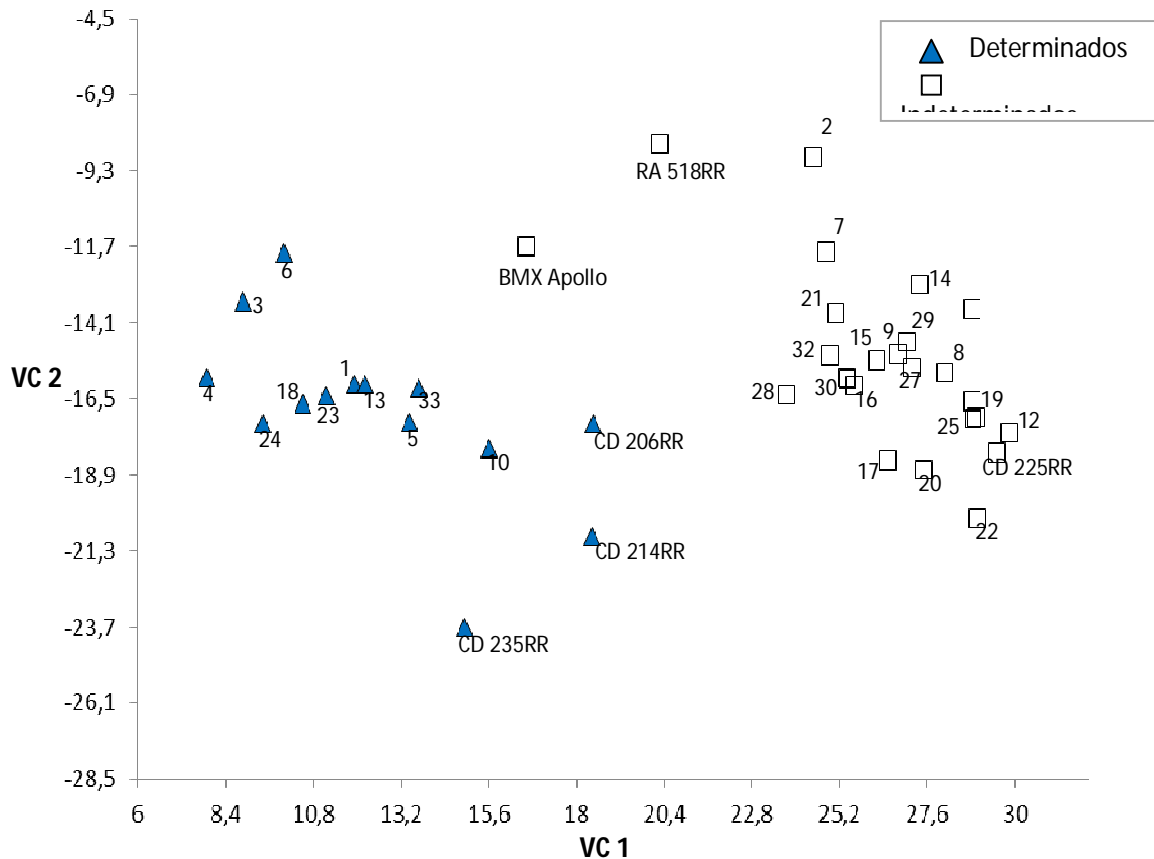


Figura 1 - Gráfico de dispersão dos escores de 33 famílias F2:4 e 6 cultivares testemunhas em relação às duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2). Cascavel - PR, 2011

O percentual de importância da característica na variabilidade total dos indivíduos avaliados é muito importante para minimizar o tempo despendido para a avaliação de caracteres com pouca relevância para a diversidade genética. Contudo, isso não minimiza a importância das características com menor contribuição na variação, pois estas podem estar muito mais correlacionadas com o rendimento, ou outro caractere de interesse, do que as que apresentam maior variabilidade.

No Quadro 10, é possível identificar que, com apenas seis das 14 características avaliadas, há possibilidade de acumular mais de 80% da importância relativa de caracteres como contribuição para a variabilidade dos materiais em estudo.

Quadro 9 - Variáveis canônicas estabelecidas pela combinação linear das variáveis padronizadas. Cascavel – PR, 2011

Variáveis canônicas	Coeficientes de ponderação associados às variáveis padronizadas													
	(AP)	(AI)	(DH)	(NNH)	(NFH)	(NVH)	(NVP)	(NGP)	(NGV)	(NR)	(MGP)	(MMG)	(RP)	(AF)
VC 1	0,740	-0,187	-0,295	0,403	0,497	-0,660	-1,142	2,215	-0,653	0,348	-0,837	0,242	-0,109	0,108
VC 2	-1,027	0,377	-0,084	0,289	0,820	-0,079	-1,071	1,878	0,144	-0,427	-1,117	0,365	0,157	-0,241
VC 3	0,221	-0,492	0,981	0,284	-0,913	-0,139	-1,172	0,389	-1,304	-0,347	1,563	0,369	-0,105	0,076
VC 4	0,331	-0,307	0,114	0,491	-1,036	-0,378	-2,331	-0,930	3,458	-0,217	0,440	-0,435	0,116	-0,127
VC 5	-0,026	0,788	0,692	-0,131	-0,312	-0,634	-0,106	-0,134	0,627	0,104	0,203	-0,035	-0,091	-0,004
VC 6	-0,347	0,888	0,046	0,604	-0,665	0,833	-1,125	0,241	1,726	-0,334	-0,521	0,361	0,372	0,098
VC 7	-0,515	0,211	-0,039	-0,123	0,552	-0,171	-0,184	-0,538	-0,219	-0,124	0,313	-0,441	-0,251	0,839
VC 8	-0,097	0,019	-0,803	-1,254	1,198	0,284	-2,024	3,078	-0,449	0,569	-0,607	0,626	-0,116	0,345
VC 9	-0,122	-0,023	-0,128	0,039	-0,046	0,079	-0,360	-1,464	1,583	1,004	-0,797	0,213	0,536	0,072
VC 10	0,075	0,274	-0,848	-0,287	0,298	-0,155	0,683	-5,516	4,158	-0,577	1,742	-0,151	-0,236	-0,255
VC 11	0,004	0,062	0,086	-1,054	1,275	-0,489	0,940	-3,477	3,013	-1,022	0,633	-0,084	0,559	0,226
VC 12	-0,024	-0,134	0,544	-0,882	0,905	0,355	-0,610	-2,901	0,117	0,536	2,433	-0,740	-0,372	0,047
VC 13	0,291	0,079	0,204	-1,038	0,755	0,000	-0,367	2,087	0,550	-0,109	-2,763	0,572	0,052	-0,376
VC 14	0,001	-0,178	0,129	0,606	-0,616	-0,077	0,408	0,712	3,809	-0,024	-5,046	1,271	-0,264	0,077

Quadro 10 - Relação da importância de caracteres na soja para os 39 tratamentos avaliados. Cascavel – PR, 2011

Caracteres avaliados	Importância relativa (%)	Importância acumulada (%)
Altura de planta (AP)	32,66	32,66
Nº de nós férteis na haste principal (NFH)	17,18	49,85
Nº de nós na haste principal (NHP)	13,27	63,12
Nº de vagens na planta (NVP)	10,52	73,63
Nº de grãos na planta (NGP)	5,84	79,47
Nº de grãos por vagem (NGV)	5,51	84,98
Nº de vagens na haste principal (NVH)	4,68	89,66
Massa de 1000 grãos (MMG)	4,49	94,15
Altura de planta no florescimento (AF)	2,45	96,60
Nº de ramos (NR)	1,69	98,30
Rendimento de parcela (RP)	0,64	98,93
Altura de inserção (AI)	0,61	99,55
Massa de grãos por planta (MGP)	0,30	99,85
Diâmetro da haste (DH)	0,15	100

Com o objetivo de melhor compreender a relação das características estudadas com o tipo de crescimento dos materiais em avaliação, foi possível obter a importância dos caracteres para cada um dos diferentes grupos de materiais com tipos de crescimento distintos, utilizando metodologia proposta por Singh (1981). Esses resultados estão apresentados no Quadro 11.

Para o grupo dos materiais determinados, foi possível efetuar a eliminação dos caracteres RP, AI, NHP e NFH sem causar desarranjos no agrupamento dos materiais pelo método de Tocher. A redução destas características se deve à baixa contribuição das mesmas para a variação total dentro do grupo de materiais determinados.

Levando em consideração os materiais pertencentes ao grupo indeterminado, foi possível efetuar a redução de seis características sem que houvesse modificações no agrupamento realizado pelo teste Tocher, são elas: RP, NHP, AF, DH, AI e NVP. Como na redução de caracteres dos materiais determinados, a redução destas características dentro do grupo indeterminado se deve ao fato da baixa contribuição destas para a variação total dentro do grupo.

Constatada a possibilidade de redução de caracteres é recomendado que estes sejam eliminados do conjunto de dados para depois prosseguir com as novas

análises de variáveis canônicas. Como no presente estudo não há o interesse em verificar a dissimilaridade dos materiais dentro de cada grupo, determinado e indeterminado, não foi realizada a análise de variáveis canônicas para os grupos separadamente.

Quadro 11 - Relação da importância de caracteres avaliados dentro dos dois grupos de materiais determinados e indeterminados. Cascavel – PR, 2011

Caracteres avaliados	Determinados		Indeterminados	
	Ranking	Importância relativa (%)	Ranking	Importância relativa (%)
Altura de planta (AP)	3 ^o	10,75	2 ^o	21,49
Diâmetro da haste (DH)	4 ^o	6,96	-	-
Nº de vagens na haste principal (NVH)	7 ^o	3,08	8 ^o	3,23
Nº de vagens na planta (NVP)	10 ^o	2,90	-	-
Nº de grãos na planta (NGP)	1 ^o	43,81	1 ^o	42,70
Nº de grãos por vagem (NGV)	8 ^o	3,00	7 ^o	5,03
Nº de ramos (NR)	6 ^o	5,93	3 ^o	7,89
Massa de grãos por planta (MGP)	11 ^a	1,93	4 ^o	7,33
Massa de 1000 grãos (MMG)	2 ^o	15,65	6 ^o	5,30
Altura ao florescimento (AF)	5 ^o	6,00		-
Nº de nós na haste principal (NHP)	-	-	5 ^o	7,03

Em ambos os grupos é possível observar que o caractere de NGP (Número de Grãos por Planta) apresenta um elevado percentual de importância relativa na variação total. Tal resultado pode ser explicado pelo fato do número de grãos por planta ser uma característica altamente influenciada pelas condições ambientais e relacionada a outras características não mensuradas nesse estudo, como número de flores por planta, outro caractere altamente influenciado pelo ambiente.

O acúmulo da importância relativa nos cinco primeiros caracteres, segundo o ranking de importância, ultrapassa o nível de 80%, sendo no grupo determinado os caracteres de NGP (43,81), MMG (15,65%), AP (10,75%), DH (6,96%) e AF (6,00%) e para o grupo dos materiais indeterminados os caracteres de NGP (42,70%) AP (21,49%), NR (7,89%), MGP (7,33%) e NHP (7,03%).

A ausência da importância relativa das características DH, NVP e AF para os genótipos do grupo indeterminado e a ausência da importância relativa do caráter NHP para o grupo determinado, juntamente com as diferenças no ranking para as

variáveis nos diferentes grupos, leva-nos a constatar que as famílias representantes de cada grupo apresentam comportamentos diferenciados de variação para os caracteres avaliados. A importância dessa observação nos remete a considerar essas variações no momento de seleção de plantas para avançar em um programa de melhoramento, ou quando da escolha de futuros genitores para o programa, com o objetivo de não restringir a variabilidade de características dentro dos diferentes grupos a serem trabalhados.

Nesse contexto, os cinco caracteres de maior importância na contribuição para a variabilidade, em ordem de importância, dentro do grupo de materiais determinados foram: NGP, MMG, AP, DH e AF. No grupo dos materiais indeterminados foram: NGP, AP, NR, MGP e NHP.

A importância das características na variabilidade total dentro de cada um dos grupos distintos para tipo de crescimento direciona-nos a uma seleção mais assertiva e com maior ganho de seleção para as variáveis, cuja importância relativa na variabilidade seja maior, desde que haja alta herdabilidade. Por uma questão óbvia, caracteres com baixa importância na variabilidade terão ganhos de seleção comparativamente inferiores com as demais, visto que a variabilidade para estes são de menor magnitude.

Apesar da existência de características com maior ou menor relevância na contribuição para variabilidade da população em estudo, não há um interesse em reduzir a relevância dos caracteres de baixa importância para a variabilidade, pois estes podem estar correlacionados com variáveis ligadas à produtividade, fazendo-se, assim, importantes na seleção indireta desta.

A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, mas somente as correlações genotípicas envolvem uma associação de natureza herdável e de maior interesse para o melhoramento (Nogueira et al., 2012). Contudo, caracteres genotipicamente correlacionados, mas não fenotipicamente correlacionados, podem não ser de valor prático na seleção, pois esta é geralmente baseada no fenótipo (Shukla et al., 1998).

Dessa forma, com o intuito de obter uma maior compreensão entre as características estudadas, correlações fenotípicas e genotípicas entre os diferentes grupos avaliados foram realizadas. Os resultados destas análises estão apresentados nos Quadros 12 e 13.

Quadro 12 - Correlações genotípicas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre as caracteres no grupo de materiais determinados. Cascavel-PR, 2011

Caracter	AP	AI	DH	NHP	NFH	NVH	NVP	NGP	NGV	NR	MGP	MMG	RP	AF
AP	r_g	0,797**	-0,665**	0,863**	0,768**	0,427	-0,369	-0,524	-0,724**	-0,205	-0,661**	0,010	-0,358	0,989**
	r_f	0,742**	-0,446	0,797**	0,702**	0,416	-0,334	-0,459	-0,469	-0,210	-0,533*	0,007	-0,327	0,941**
AI	r_g		-0,397	0,994**	0,870**	-0,068	-0,655**	-0,725**	-0,355	-0,363	-0,729**	0,335	-0,682**	0,767**
	r_f		-0,340	0,784**	0,656*	-0,098	-0,630	-0,684*	-0,708**	-0,392	-0,661**	0,290	-0,592*	0,653*
DH	r_g			-0,794**	-0,900**	-0,391	-0,066	-0,056	0,377	-0,283	0,408	0,802**	0,680**	-0,556*
	r_f			-0,334	-0,343	-0,119	0,184	0,215	0,176	-0,015	0,529*	0,556*	0,428	-0,348
NHP	r_g				0,958**	0,213	-0,365	-0,509	-0,604*	-0,081	-0,667**	0,048	-0,437	0,743**
	r_f				0,948**	0,257	-0,206	-0,303	-0,318	0,001	-0,353	0,061	-0,388	0,658*
NFH	r_g					0,144	-0,104	-0,273	-0,716**	0,246	-0,439	-0,038	-0,459	0,628*
	r_f					0,212	0,031	-0,085	-0,106	0,266	-0,154	-0,017	-0,400	0,551*
NVH	r_g						0,162	0,159	-0,035	-0,222	-0,038	-0,381	0,548*	0,459
	r_f						0,209	0,214	0,232	-0,127	0,066	-0,350	0,467	0,443
NVP	r_g							0,978**	-0,124	0,849**	0,880**	-0,512*	0,329	-0,486
	r_f							0,973**	0,967**	0,847**	0,885**	-0,423	0,268	-0,383
NGP	r_g								0,103	0,732**	0,870**	-0,568*	0,381	-0,638*
	r_f								0,993**	0,755**	0,889**	-0,468	0,306	-0,496
NGV	r_g									-0,515	0,027	-0,156	-0,002	-0,642*
	r_f									0,754**	0,866**	-0,512	0,336	-0,509
NR	r_g										0,627**	-0,391	-0,089	-0,371
	r_f										0,679**	-0,327	-0,036	-0,305
MGP	r_g											-0,088	0,602*	-0,692**
	r_f											-0,021	0,446	-0,493
MMG	r_g												0,134	0,167
	r_f												0,120	0,153
RP	r_g													-0,147
	r_f													-0,217

*, ** = Significativo pelo teste F a 5% e 1% de, respectivamente.

Quadro 13 - Correlações genótípicas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre os caracteres no grupo de materiais indeterminados. Cascavel-PR, 2011

Caracter	AP	AI	DH	NHP	NFH	NVH	NVP	NGP	NGV	NR	MGP	MMG	RP	AF
AP	r_g	0,771**	0,243	0,668**	0,527**	0,272	0,250	0,105	-0,202	0,374	0,242	0,064	-0,152	0,948**
	r_f	0,7383**	0,172	0,626**	0,497*	0,253	0,159	0,066	0,075	0,296	0,127	0,055	-0,141	0,870**
AI	r_g		0,615**	0,819**	0,735**	0,231	0,544**	0,273	-0,341	0,652**	0,524**	0,169	-0,322	0,706**
	r_f		0,308	0,676**	0,594**	0,114	0,236	0,079	0,074	0,453*	0,159	0,145	-0,298	0,605**
DH	r_g			0,412*	0,519**	-0,070	0,875**	0,770**	0,030	0,943**	0,871**	-0,279	-0,153	-0,013
	r_f			0,432*	0,532**	0,219	0,790**	0,743**	0,743**	0,771**	0,779**	-0,165	-0,106	0,033
NHP	r_g				0,979**	0,343	0,431*	0,329	-0,116	0,433*	0,314	-0,154	-0,248	0,385
	r_f				0,967**	0,373	0,420*	0,358	0,349	0,417*	0,348	-0,108	-0,230	0,344
NFH	r_g					0,371	0,557**	0,431*	-0,155	0,492*	0,465*	-0,123	-0,221	0,230
	r_f					0,41*	0,526**	0,454*	0,431*	0,470*	0,454*	-0,086	-0,205	0,208
NVH	r_g						0,602**	0,285	-0,528**	0,225	0,344	-0,072	0,608**	-0,095
	r_f						0,536**	0,361	0,364	0,250	0,379	-0,076	0,440*	-0,018
NVP	r_g							0,790**	-0,186	0,913**	0,813**	-0,375	0,218	-0,074
	r_f							0,865**	0,834**	0,841**	0,879**	-0,219	0,140	0,000
NGP	r_g								0,450*	0,811**	0,925**	-0,701**	0,241	-0,124
	r_f								0,993**	0,793**	0,916**	-0,493*	0,174	-0,049
NGV	r_g									0,022	0,307	-0,593**	-0,052	-0,142
	r_f									0,781**	0,906**	-0,520**	0,185	-0,044
NR	r_g										0,902**	-0,342	-0,062	0,182
	r_f										0,824**	-0,194	-0,003	0,162
MGP	r_g											-0,362	0,281	-0,098
	r_f											-0,121	0,155	-0,010
MMG	r_g												-0,123	0,055
	r_f												-0,107	0,053
RP	r_g													0,067
	r_f													-0,012

*, ** = Significativo pelo teste F, a 5% e 1%, respectivamente.

Levando em consideração que a característica mais importante para o estudo é o RP (rendimento de parcela), o grupo de materiais determinados apresentou correlações positivas genotípicas e significativas com as características, DH (0,680), NVH (0,548) e MGP (0,602). Apesar destas não apresentarem correlações fenotípicas significativas e, portanto, com sua utilização um pouco limitada para a seleção do caractere RP, suas correlações com outras características podem de alguma forma contribuir para o acréscimo indireto para RP.

Correlações positivas indicam que as características se movem juntas, ou seja, à medida que uma característica aumenta seu valor, a característica correlacionada a ela também terá um aumento.

Além destas, o caractere AI também apresentou correlação genotípica, porém negativa (-0,682), indicando que o aumento de um caractere acarretará o decréscimo do outro.

Já para o grupo dos materiais indeterminados (Quadro 11), considerando RP, foi possível encontrar correlação significativa e positiva apenas para a característica NVH (0,608) e nenhuma significativa correlação negativa.

Levando em consideração a segunda característica de maior relevância (MGP), dentro do grupo de materiais determinados, foi possível constatar correlações genotípicas positivas e significativas para as características NVP (0,880), NGP (0,870) e NR (0,627).

Dentro do mesmo grupo, foi constatada a presença de correlações genotípicas negativas e significativas para AI (-0,729) e NHP (-0,667). Apesar de AI apresentar correlação genotípica significativa, sua correlação fenotípica não apresentou significância, tendo assim sua utilização limitada para a seleção indireta do caractere MGP, visto que a seleção de plantas é baseada no fenótipo.

Correlações positivas para MGP dentro do grupo indeterminado apresentaram significância para AI (0,524), DH (0,871), NFH (0,465), NVP (0,813), NGP (0,925) e NR(0,902), e nenhuma correlação negativa foi apresentada.

Malik et al. (2007) e Nogueira et al. (2012) também encontraram correlações positivas e significativas entre rendimento de planta e número de vagens por planta.

Estudos de Perini et al. (2012) também evidenciaram correlações entre número de grãos por planta e número de vagens por planta com a característica massa de grãos por planta.

El-Badawy e Mehasen (2012), estudando genótipos indeterminados também encontraram correlações positivas e significativas entre produção de plantas e as características de número de vagens por planta, número de grãos por vagem e número de ramos por planta.

Apesar de constatada correlação significativa entre AI e MGP para o grupo indeterminado, essa não apresentou significância quando observado sua correlação fenotípica, tendo assim sua utilização limitada na prática da seleção. Em ambos os grupos, foi observado que os caracteres NVP, NGP e NR foram genotipicamente e fenotipicamente significativos quando correlacionados com MGP.

A captura de correlações genotípicas dentro dos dois grupos de crescimento mostra que, para a obtenção de maior sucesso na seleção indireta, buscando rendimento, é importante levar em consideração o tipo de crescimento que envolve a população trabalhada, visto que estas apresentam respostas diferenciadas para RP e MGP.

Diferenças de respostas na correlação com a característica DH também foram evidenciadas. No grupo de materiais indeterminados, essa característica obteve correlações genotípicas positivas e significativas para o caractere NHP (0,412), NFH (0,519), NVP (0,875) e NGP (0,770).

Para o grupo de materiais determinados, foram encontradas correlações genotípicas e significativas negativas com NHP (-0,794) e NFH (-0,900), porém estas com respostas não significativas quando levado em consideração as correlações fenotípicas, limitando assim sua utilização para seleção.

Dento do grupo de materiais determinados, foi observada a correlação genotípica e positiva de DH com MMG (0,802). Correlação essa não constatada no grupo de materiais indeterminados.

Para o caractere MMG, no grupo de materiais indeterminado, foi constatada correlação genotípica e fenotípica significativa e negativa com as características NGP e NGV, indicando um efeito compensatório para MMG quando o número de grãos por planta e o número de grãos por vagem é diminuído.

Resultados similares foram encontrados por Perini et al. (2012) avaliando materiais de tipo indeterminado.

Considerando o grupo determinado, a característica MMG, quando relacionada com NGP, apresentou correlacionada significativa e negativa (-0,568),

porém não apresentou significância para a correlação fenotípica, tendo assim sua utilização limitada para seleção.

Bramel et al. (1984), estudando linhas em geração F10 e segregando para tipos de crescimento determinado, semi-determinado e indeterminado, também evidenciaram que a terminação da haste principal, ou seja, o tipo de crescimento, interfere grandemente na relação dos caracteres correlacionados com rendimento.

Em geral, existe grande variação nas estimativas de correlações genéticas entre os caracteres em soja, refletindo diferenças existentes entre o grau de associação dos caracteres de uma população para outra. No entanto, com o acúmulo de informações obtidas em programas de melhoramento, tem-se um indicativo da direção e magnitude predominante da correlação entre os principais caracteres. Mesmo assim, os coeficientes de correlação genética devem ser mensurados em cada população para proporcionar maior eficiência na seleção (Rossmann, 2001).

5. CONCLUSÕES

a) A dissimilaridade entre os parentais utilizados no cruzamento foi suficiente para gerar indivíduos distintos de seus genitores.

b) O tipo de crescimento na planta influenciou fortemente os caracteres estudados, visto que a contribuição relativa dos caracteres e as correlações genotípicas demonstraram respostas diferenciadas para os diferentes grupos.

c) Materiais indeterminados apresentaram maior variabilidade para os caracteres NGP, MMG, AP, DH e AF; e para os materiais determinados nas variáveis: NGP, AP, NR, MGP e NHP. A presença de variabilidade para estes indica a possibilidade de resposta em ganho genético para seleção na geração F2:4 dentro de cada tipo de crescimento específico.

d) Respostas de correlação semelhantes entre os dois grupos foram encontradas. As variáveis número de vagens por planta (NVP), número de grão por planta (NGP) e número de ramos (NR) apresentaram correlações significativas com a massa de grãos por planta (MGP) para ambos os grupos, podendo, assim, serem utilizadas como base para seleção de rendimento de planta, independentemente do tipo de crescimento da população.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKHTER, M.; SNELLER, C.H. Yield and yield components of early maturing soybean genotypes in the mid south. **Crop Science**, 3:877-882, 1996.

ARRIEL, N.H.C.; DI MAURO, A.O.; DI MAURO, M.Z.; BAKKE, O.A.; TREVISOLI, S.H.U.; COSTA, M.M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A.R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 41:801-809, 2006.

BERNARD, R.L. Two genes affecting stem termination in soybean. **Crop Science**, 2:235-239, 1972.

BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento. In: VERNETTI, F.J. **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983, p. 743-800.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 1998. 453p.

BRACCINI, A.L.; STUP, M.; ALBRECHT, L.P.; AVILA, M.R.; SCAPIM, C.A.; RICCI, T.T. Desempenho agrônomo e produtividade na sucessão soja-milho safrinha. **Acta Scientiarum Agronomy**, 32:651-661, 2010.

BRAMEL, P.J.; HINZ P.N.; GREEN, D.E.; SHIBLES, R.M. Use of principal factor analysis in the study of three stem termination types of soybean. **Euphytica**, 33:387-400, 1984.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. **Catálogo de Cultivares protegidas de soja (*Glycine mac. (L.) Merrill***. Brasília: MAPA/ACS, 2002. 133p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília: MAPA/ACS, 2009. 399p.

CARTER, T.E.; NELSON, R.; SNELLER, C.H.; CUI, Z. Genetic diversity in soybean. **Soybeans: Improvement, production, and uses**, 16:303-416, 2004.

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; OLIVEIRA, M.F.; VELLO, N.A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37:311-320, 2002.

CASTINEIRAS, L. Análisis de descriptores del frijol común (*Phaseolus vulgaris*) mediante métodos multivariados. **Ciências de la Agricultura**, 39:54-59, 1990.

CFP - Comissão de Financiamento da Produção. **Preços mínimos – regiões centro-oeste, sudeste e sul: safra 1975/1976**. Brasília: Ministério da Agricultura, 1975. 188p.

CONAB - disponível em: http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&t=2&Pagina_objcmsconteudos=3#A_objcmsconteudos. Acesso em: 05, julho, 2013.

CREGAN, P.B.; BUSH, A.L.; SHOEMAKER, R.C.; LARK, K.G.; KAHLER, A.L.; KAYA, N.; VAN TOAI, T.T.; LOHNES, D.G.; CHUNG, J.; SPECHT, J.E. An integrated Genetic Linkage Map of Soybean Genome. **Crop Science**, 39:1464-1688, 1999.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows. Viçosa: UFV, 2007.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramentos Genético**. Viçosa: UFV, 2004. 514p.

EL-BADAWY, M.EL.M.; MEHASEN, S.A.S. Correlation and path analysis for yield and yield components of soybean genotypes under different planting density. **Asian Journal of Crop Science**, 4:150-158, 2012.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/ Imprensa Universitária, 1987. p. 279.

FARIA, L.C. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre populações de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo mulatinho**. Goiânia: UFG, 1994. 80p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 34:409-414, 1999.

GIZLICE, Z.; CARTER JUNIOR, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybean: Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, 33:614-617, 1993.

GRAHAM, P.H.; VANCE, C.P. Legumes: Importance and constraints to greater use. **Plant Physiology**, 131: 872-877, 2003.

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

KAVALCO, S.A.F.; BARETTA, D.; GROLI, E.L.; DANIELOWSKI, R.; THUROW, L.B.; NORBERG, R.; MOLITERNI, E.; SILVA, J.A.G.; OLIVEIRA, A.C. Variáveis canônicas em genótipos de aveia preta. In: XXXIII REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. Pelotas, 2013. **Resumos...** Brasília, DF: Embrapa, 2013. Disponível em CD-ROM.

KENDALL, M.G.; Factor analysis as statistical techniques. **Journal of the Royal Statistical Society**, 22:60-73, 1950.

KHATTREE, R.; NAIK, D.N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS software**. Cary: SAS Institute Inc., 2000. 558p.

KILGORE-NORQUEST, L.; SNELLER, C.H. Effect of stem termination on soybean traits in southern U.S production systems. **Crop Sci**, 40:83-90, 2000.

KLEFFMANN e PARTNER comércio e assessoria mercadológica e representação. **Amis seed soybean 2010/2011**. Disponível em: <http://kleffmann.com.br>. acesso em: 05, julho, 2011.

LIU, B.; FUJITA, T.; YAN, Z-H.; SAKAMOTO, S.; XU, D.; ABE, J. QTL mapping of domestication-related traits in soybean (*Glycine max*). **Annals of Botany**, 100:1027-1038, 2007.

LIU, B.; WATANABE, S.; UCHIYAMA, T.; KONG, F.; KANAZAWA, A.; XIA, Z.; NAGAMATSU, A.; ARAI, M.; YAMADA, T.; KITAMURA, K.; MASUTA, C.; HARADA, K.; ABE, J. The soybean stem growth habit gene Dt1 is an ortholog of Arabidopsis TERMINAL FLOWER1. **Plant Physiology**, 153:198-210, 2010.

MALIK, M.F.A.; ASHRAF, M.; QURESHI, S.; GHAFOR, A.; Assesment of genetic variability, correlation and path analyses for yield and its componentes in soybean. **Pakistan Journal of Botany**, 39:405-413, 2007.

MUEHLBAUER, G.J.; STASWICK, P.E.; SPECHT, J.E.; GRAEF, G.L.; SHOEMAKER, R.C.; KEIM, P. RFLP mapping using near-isogenic lines in the soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. **Theoretical and Applied Genetics**, 81:189-198, 1991.

MÜLLER, L. Taxionomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (eds.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 65-104.

NOGUEIRA, A.P.O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa: UFV, 2011. 126p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, 28:877-888, 2012.

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; PEDROSA, M.W.; GARCIA, N.C.P.; GARCIA, S.L.R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum. Agronomy**. 26:211-217, 2004.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; KIIHL, R.A.S.; ALMEIDA, L.A. Desenvolvimento de cultivares de soja na região Norte e Nordeste do Brasil. In: ARANTES, N.E.; SOUZA, P.I.M. **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Potafos, 1993. p. 255-266.

PEETERS, J.P.; MARTINELLI, J.A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collections. **Theoretical and Applied Genetics**, 78:42-48, 1989.

PEREIRA, A.V. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Piracicaba: ESALQ, 1989. 180p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).

PERINI, L.J.; JUNIOR, N.S.F.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, 33:2531-2544, 2012.

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**, 39:967-975, 2004.

RAMALHO, M.A.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora UFG, 1993, 271p.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. [S.l.]: John Wiley and Sons, 1952. 390p.

ROSSMAN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Piracicaba: ESALQ, 2001. 80p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SANTOS, C.A.F.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, C.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T. Parâmetros genéticos e seleção indireta de progênies F6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, 42:155-166, 1995.

SCHUMTZ, J.; CANNON, S.B.; SCHULUETER, J.; MA, J.; MITROS, T.; NELSON, W.; HYTEN, D.L.; SONG, Q.; THELEN, J.J.; CHENG, J.; XU, D.; HELLSTEN, U.; MAY, G.D.; YU, Y. SAKURA, T.; UMEZAWA, T.; BHATTACHARYYA, M.K.; SANDHU, D.; VALLIYODAN, B.; LINDQUIST, E.; PETO, M.; GRANT, D.; SHU, S.; GOODSTEIN, D.; BARR, K.; FUTRELL-GRIGGS, M.; ABERNATHY, B.; DU, J.; THIAN, Z.; ZHU, L.; GILL, N.; JOSHI, T.; LUBAULT, M.; SETHURAMAN, A.; ZANG, X.C.; SHINOZAKI, K.; NQUYEN, H.T.; WING, R.A.; CREGAN, P.; SPCHT, J.; GRIMWOOD, J.; ROKHSAR, D.; STACEY, G.; SHOEMAKER, R.C.; JACKSON, S.A. Genome sequence of the palaeopolyploid soybean. **Nature**, 463:178-183, 2010.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30:507-512, 1974.

SEDIYAMA, C.S.; VIEIRA, C.; SEDIYAMA, T.; CARDOSO, A.A.; ESTEVÃO, H.H. Influência do retardamento da colheita sobre a deiscência das vagens e sobre a qualidade e poder germinativo das sementes de soja. **Experientiae**, 14:117-141, 1972.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BARROS, H.B. Cultivares. In: SEDIYAMA, T. (ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009. p. 77-91.

SHUKLA, S.; SINGH, K.; PUSHPENDRA. Correlation and path coefficient analysis of yield and components in soybean (*Glycine max* L. Merrill.) **Soybean Genetics Newsletter (USA)**, 25:67-70, 1998.

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

SRIVASTAVA, A.N.; JAIN, J.K. Variability and coheritability estimates for physiological and economic attributes in soybean. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, 54:179-183, 1994.

TAWARE, S.P.; HALVANKAR, G.B.; RAUT, V.M.; PATIL, V.P. Variability, correlation and path analysis in soybean hybrids. **Soybean Genetics Newsletter (USA)**, 24:96-98, 1997.

TAWARE, S.P.; RAUT, V.M.; HALVANKAR, G.B.; PATIL, V.P. Phenotypic variability and character association in some vegetable soybean varieties. **Journal of Maharashtra Agricultural Universities**, 20:454, 1995.

THOMPSON, J.A.; BERNARD, R.L.; NELSON, R.L. A third allele at the soybean dt1 locus. **Crop Science**, 39:757-762, 1997.

TIAN, Z.; WANG, X.; LEE, R.; LI, Y.; SPECHT, J.E.; NELSON, L.R.; McCLEAN, E.P.; QIU, L.; MA, J. Artificial selection for determinate growth habit in soybean. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 107:8563-8568, 2010.

USDA – disponível em: <http://www.fas.usda.gov/psdonline/psdReport.aspx?hidReportRetrievalName=Table+11+Soybean+Area%2c+Yield%2c+and+Production&hidReportRetrievalID=906&hidReportRetrievalTemplateID=1>. Acesso em: 05, junho, 2013.

WILCOX, J.R.; SHIBLES, R.M. Interralationships among seed quality attributes in soybean. **Crop Science**, 41:11-14, 2001.

XU, B.; ZHEN, H.Y.; LU, Q.H.; ZHAO, S.W.; ZHOU, S.H.; HU, Z.A. Three new evidences of the original area of soybean. **Soybean Science**, 5:123-130, 1986.