

NATHÁLIA SALGADO SILVA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECÇÃO NATURAL POR
FERRUGEM, SEM FUNGICIDA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Uberlândia, como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Agronomia- Mestrado, área
de concentração em Fitotecnia, para obtenção do
título de “Mestre”.

Orientadora

Prof^ª. Dr^ª. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS- BRASIL
2018

NATHÁLIA SALGADO SILVA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECÇÃO NATURAL POR
FERRUGEM, SEM FUNGICIDA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Uberlândia, como parte das exigências do Programa
de Pós-Graduação em Agronomia - Mestrado, área
de concentração em Fitotecnia, para obtenção do
título de “Mestre”.

Aprovada em 27 de Janeiro de 2018

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

UFU

Prof. Dr. Fernando César Juliatti

UFU

Dr. Paulo Henrique Nardon Felici

Monsanto

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira
INGEB-UFU
(Orientadora)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS - BRASIL
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

S586d
2018 Silva, Nathália Salgado, 1992
 Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade produtiva de
 genótipos de soja sob infecção natural por ferrugem, sem fungicida /
 Nathália Salgado Silva. - 2018.
 133 f. : il.

 Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
 Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
 Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
 Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2018.236>
 Inclui bibliografia.

 1. Agronomia - Teses. 2. Soja - Melhoramento genético - Teses. 3.
 Ferrugem asiática - Teses. 4. Soja - Aspectos econômicos - Teses. I.
 Nogueira, Ana Paula Oliveira. II. Universidade Federal de Uberlândia.
 Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

A Deus e Nossa Senhora.
Aos meus pais e irmãos.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser força, amor e paz na minha vida. Pela saúde, capacidade e vontade. Pela oportunidade do mestrado, e acima de tudo, por Ele ter feito meus planos serem os planos Dele.

À minha Nossa Senhora, por ser minha fonte de força, fé, coragem e gratidão. Por sempre acalmar meu coração.

Àos meus pais Maria Vicentina e Marden e aos meus irmãos Victor e Thaís. Em especial à minha mãe, pelo amor, dedicação, compreensão e companheirismo em todos os meus sonhos; e à minha irmã (Tatuzinho), por toda amizade e companheirismo.

Ao meu namorado Salvinho, pelo amor, carinho e risadas.

À minha orientadora Dr^a Ana Paula, pela dedicação, atenção, disponibilidade, ensinamentos e amizade. Por ter me apresentado ao maravilhoso Melhoramento Genético e por todos os estímulos na minha vida profissional.

Ao programa de Melhoramento Genético da Soja e a todos que contribuíram para a realização desta pesquisa, em especial a Bianca, pela ajuda e por ter sido tão presente.

Aos membros da banca examinadora, Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, Prof. Dr. Fernando César Juliatti, Dr. Paulo Henrique Nardon Felici pela disponibilidade e contribuições na lapidação desta pesquisa.

À Universidade Federal de Uberlândia e ao Programa de Pós Graduação em Agronomia pela oportunidade e estrutura.

RESUMO

SILVA, NATHÁLIA SALGADO. **DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECCÃO NATURAL POR FERRUGEM, SEM FUNGICIDA.** 2018. 133p. Dissertação (Mestrado em Agronomia Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.¹

Estudar a diversidade genética, a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja é de extrema importância para os programas de melhoramento genético, visto que a identificação de parentais é prejudicada pela estreita base genética da soja brasileira, além disso, a recomendação de cultivares para as diversas regiões brasileiras constitui-se em um dos principais desafios do melhoramento. Esta dissertação está subdividida em três capítulos, sendo que no primeiro realizou-se o referencial teórico da soja, importância econômica, melhoramento genético e ferrugem asiática. O segundo capítulo foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a divergência genética de genótipos de soja sob infecção natural por ferrugem. O experimento foi realizado na Fazenda Capim Branco da UFU, na safra 2016/17. Utilizaram-se 14 genótipos, sendo 10 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e 4 cultivares (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 e BRSGO 7560), em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Concluiu-se que existe variabilidade genética para todos os caracteres agrônomicos avaliados, com exceção de altura de inserção da primeira vagem e altura de planta na floração. As linhagens UFUS 1117-01, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 apresentaram resistência a *Phakopsora pachyrhizi* e foi identificado que os caracteres de altura de planta na maturidade, número de vagens chochas, número de dias para a maturidade e área abaixo da curva de progresso da doença foram os que mais contribuíram para a divergência genética. Algumas hibridações foram sugeridas objetivando a resistência à ferrugem asiática, em todos os cruzamentos a linhagem UFUS 1117-06 esteve presente. O terceiro capítulo refere-se ao estudo da adaptabilidade e estabilidade produtiva dos 14 genótipos de soja cultivados nas safras 2013/14, 2014/15, 2015/16, 2016/17. Foi possível concluir que a interação genótipos por ambientes é do tipo complexa para a produtividade de grãos. A linhagem UFUS 1117-01 foi identificada como sendo de alta estabilidade produtiva pelos métodos de Eberhart e Russel (1966), Wricke (1965), Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI 1 e AMMI 2), e Centróide. O genótipo UFUS 1117-07 apresentou alta estabilidade pelos métodos Eberhart e Russel (1966), Wricke (1965), Lin e Binns 1988 modificado por Carneiro 1999 e ampla adaptabilidade por Eberhart e Russel e Centróide, já UFUS 1117-09 foi identificado como sendo adaptável a ambientes desfavoráveis por Lin e Binns modificado por Carneiro, AMMI1 e Centróide, enquanto que UFUS 1117-10 apresentou adaptabilidade a ambientes favoráveis pelos métodos AMMI1 e Centróide e alta estabilidade por Eberhart e Russel.

Palavras-chaves: *Glycine max*, variabilidade genética, interação G x A, recomendação de cultivares.

¹ Orientadora: Ana Paula de Oliveira Nogueira. Instituto de Genética e Bioquímica da Universidade - UFU

ABSTRACT

SILVA, NATHÁLIA SALGADO. **GENETIC DIVERGENCE, ADAPTABILITY AND PRODUCTIVE STABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES UNDER NATURAL RUST INFECTION WITHOUT FUNGICIDE.** 2018. 133p. Dissertation (Master's degree in Agronomy Plant Science) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia.²

Studying a genetic diversity, adaptability and stability of soybean genotypes are of extreme importance for breeding programs, since the identification of parents is impaired by the narrow genetic base of Brazilian soybean, and a recommendation of cultivars for the different regions is one of the main challenges for improvement. This dissertation is subdivided into three chapters, the first is the theoretical reference of soy, economic importance, genetic breeding and Asian rust. The second chapter was developed with the objective of evaluating the genetic divergence of soybean genotypes under natural rust infection. The experiment was carried out at Fazenda Capim Branco, UFU, in the 2016/17 harvest. A total of 14 genotypes were used, including 10 lines developed by the UFU Soybean Breeding Program and four cultivars (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 and BRSGO 7560) in a randomized complete block design with three replicates. It was concluded that there is genetic variability for all agronomic traits, except for the height of the first pod and plant height at flowering. The lineages UFUS 1117-01, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 presented resistance to *Phakopsora pachyrhizi* and were identified in components of plant height at maturity, number of pods, number of days to maturity and area under disease progress curve they were the ones that contributed most to a genetic divergence. Hybridizations were suggested aiming the resistance to Asian rust, the strain UFUS 1117-06 was present in all crosses. The third chapter refers to the study of the adaptability and productive stability of the 14 soybean genotypes grown in the 2013/14, 2014/15, 2015/16, 2016/17 seasons. It was possible to conclude that the genotypes-environments interaction is of a complex type for grain yield. UFUS 1117-01 lineage was identified as being of high stability produced by the methods of Eberhart and Russel (1966), Wricke (1965), Principal additive effects and multiplicative interaction (AMMI 1 and AMMI 2), and Centroid. UFUS 1117-07 genotype showed high stability by the methods Eberhart and Russel (1966), Wricke (1965), Lin and Binns 1988 modified by Carneiro 1999 and wide adaptability by Eberhart and Russel and Centroid. UFUS 1117-09 was identified as being adaptive to unfavorable environments by Lin and Binns modified by Carneiro, AMMI1 and Centroid, while UFUS 1117-10 presented adaptability to environments favorable to AMMI1 and Centroid and high stability by Eberhart and Russel.

Key words: *Glycine max*, genetic variability, G x A interaction, cultivar recommendation.

² Advisor: Ana Paula de Oliveira Nogueira. Institute of Genetics and Biochemistry of the University - UFU

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Origem e expansão da soja no mundo e Brasil	ii
2.2. Aspectos botânicos, morfológicos e genéticos da soja	5
2.3. Crescimento e desenvolvimento da soja	7
2.4. Doenças da soja.....	10
2.4.1. Ferrugem asiática da soja	11
2.5. Melhoramento genético da soja	16
2.5.1. Melhoramento visando resistência a ferrugem.....	18
2.6. Parâmetros genéticos da soja	20
2.7. Diversidade genética em soja.....	22
2.8. Interação genótipos x ambientes	25
2.9. Análises de adaptabilidade e estabilidade	28
2.9.1. Método Wricke (1965)	29
2.9.2. Método Eberhart e Russel (1966).....	30
2.9.3. Método Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)	33
2.9.4. Método AMMI	34
2.9.5. Método Centroide	37
3. REFERÊNCIAS	40
CAPÍTULO 2: DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFEÇÃO NATURAL POR FERRUGEM, SEM FUNGICIDA	57
Resumo	57
Abstract.....	58
1. INTRODUÇÃO	59
2. MATERIAL E MÉTODOS	61
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	69
4. CONCLUSÕES	87
5. REFERÊNCIAS	88

CAPÍTULO 3: ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECÇÃO NATURAL POR FERRUGEM, SEM FUNGICIDA	93
Resumo	93
Abstract.....	94
1. INTRODUÇÃO.....	95
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	96
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	104
4. CONCLUSÕES.....	121
5. REFERÊNCIAS	122

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma *commodity* agrícola que faz parte do conjunto de atividades econômicas com maior destaque no mercado mundial, é de grande importância para o consumo interno e exportação, o que contribui para o agronegócio e a economia brasileira (CASTRO et al., 2015). Apresenta alta relevância no mercado internacional e é amplamente negociada entre importadores e exportadores, sua produção é realizada em grandes escalas e a comercialização segue um padrão mundial, com bolsas de valores específicas para negociá-la (MACHADO, 2010).

A soja é composta por 17 a 22% de óleo, atingindo ao máximo 28% e de 37 a 42% de proteína, podendo alcançar cerca de até 52% (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016), o que torna seu uso bastante diversificado, como produto para alimentação animal e humano, produção de óleos e biocombustíveis, além de ser matéria prima para produção de farelo (APROSOJA, 2016).

Condições climáticas favoráveis, incentivos fiscais e o melhoramento genético possibilitaram o alcance de elevadas produtividades, tornando o Brasil o segundo maior produtor mundial de soja. Na safra 2016/17 a área plantada cresceu 2%, alcançando 33909,4 milhões de hectares, a produção foi de 114 milhões de toneladas e a produtividade foi de 3362,0 kg ha⁻¹ (CONAB, 2017). O melhoramento contribuiu para o aumento da produção e avanço da cultura no país, devido ao incremento da produtividade de grãos associado à resistência a pragas e doenças (NOGUEIRA et al., 2015) e ampliação dos locais de adaptação de cultivares (MATSUO et al., 2012; BORÉM; MIRANDA, 2013; VAL et al., 2014).

De acordo com as previsões da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) (2017) para a safra 2017/18 ocorrerá um aumento de 2,4% da área plantada em comparação com a safra passada, totalizando 34,7 milhões de hectares, porém é esperada uma redução de 6,1% na produção, obtendo 107 milhões de toneladas.

A soja cultivada atualmente têm ancestrais rasteiros que se desenvolveram na costa leste da Ásia. A evolução iniciou quando plantas oriundas de cruzamentos naturais entre duas espécies de soja selvagem surgiram e foram domesticadas e melhoradas por cientistas da antiga China. Porém, apesar de ser conhecida e explorada no Oriente há mais de cinco mil anos, a soja foi introduzida no Brasil somente no século XIX (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Como toda cultura exótica, a soja iniciou sua expansão no Brasil com excelente sanidade, no entanto, em poucos anos de cultivo as doenças começaram a surgir, passando a representar um dos fatores limitantes no aumento e na estabilidade do rendimento de grãos (FIALLOS, 2011). Aproximadamente 40 doenças já foram identificadas no país (GRIGOLLI, 2015) causando sérios prejuízos e entre elas, a ferrugem asiática é a mais severa, com um potencial de dano de 10 a 90% (HARTMAN; SIKORA; RUPE, 2015).

No Brasil, a ferrugem tem provocado perdas significativas desde as primeiras epidemias severas, na safra 2001/02. A doença apresenta um custo de US\$ 2 bilhões por safra incluindo as perdas em produção, arrecadação e o custo com o controle (CONSÓRCIO ANTIFERRUGEM, 2017). A cada ano a severidade da doença tem aumentado nas regiões de clima mais favorável, ocasionando rápido desenvolvimento da doença (EMBRAPA, 2014).

Os programas de melhoramento genético da soja têm objetivos gerais e específicos e visam a solução das limitações reais ou potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da soja, com desenvolvimento de linhas puras com resistência às doenças e caracteres agronômicos de interesse e fornecimento dessa tecnologia pelas sementes de cultivares melhorada. Uma cultivar de soja deve ter alta produtividade de grãos, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes existentes na região onde é recomendada (HAMAWAKI et al., 2010).

Existem várias etapas no processo de melhoramento genético, entre elas a seleção de genitores para hibridações e obtenção de populações segregantes faz-se a mais importante. O uso de parentais divergentes e que possuem caracteres objetivados no melhoramento contribuem para desenvolvimento de populações com variabilidade genética superior. A identificação dessa divergência é realizada pelos estudos da divergência genética, a qual facilita a ampliação da base genética ao fornecer informações úteis na utilização dos recursos disponíveis e auxilia na escolha de genitores para constituir blocos de cruzamentos (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007). Neste contexto, estudos de diversidade genética são úteis para a seleção de parentais com resistência à ferrugem.

A capacidade de disponibilizar ao produtor cultivares que apresentam desempenho produtivo superior, resistência a condições elevadas de inóculo e redução das aplicações de defensivos agrícolas são indicativos do sucesso do melhoramento genético. Para tanto, é necessário que os fatores que contribuam na expressão fenotípica sejam compreendidos (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013), e um desses fatores é a interação genótipos por ambientes, pois ela dificulta a seleção de genótipos adaptáveis e estáveis (RAMALHO

et al., 2012). Desse modo, uma alternativa para minimizar ou aproveitar a interação é pelos estudos de adaptabilidade e estabilidade a fim de identificar as cultivares específicas para cada região (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nesse contexto, esta dissertação foi subdividida em três capítulos, sendo o primeiro uma revisão teórica sobre a cultura e melhoramento da soja, o segundo refere-se à análise de diversidade genética e desempenho agrônômico de linhagens e cultivares de soja sob infecção natural por *Phakopsora pachyrhizi* e o capítulo final é a análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva de linhagens desenvolvida Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal de Uberlândia.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e expansão da soja no mundo e Brasil

A soja, originária da China (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009), foi domesticada em latitudes compreendidas entre 35° e 45° N e posteriormente teve seu cultivo expandido para outras partes do mundo (BONETTI, 1983). No processo de evolução da soja, existem evidências históricas, geográficas e arqueológicas que indicam que sua domesticação ocorreu no século XI a.C. (HYMOWITZ, 2004). Os indícios mostram que a soja cultivada, a qual nunca foi encontrada espontaneamente na natureza (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013) foi domesticada a partir da espécie selvagem *Glycine soja* na China (BROICH; PALMER, 1980; KOLLIPARA; SINGH; HYNOWITZ, 1997; DOEBLEY; GAUT; SMITH, 2006). Sugere-se também que *Glycine max* teria evoluído da espécie *Glycine soja* e que o intercruzamento de ambas originou *Glycine gracilis*. Existem hipóteses também que sugerem que *Glycine max* originou-se de *Glycine gracilis* que evoluiu de *Glycine soja* (HADLEY; HYMOWITZ, 1973)

A soja foi levada para a Coreia, Japão e Ásia. Em 1740, da China foi introduzido na Europa, sendo cultivada na Inglaterra em 1790. Em 1793 foi relatada na França (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Em 1765, o cultivo da soja foi referenciado nos Estados Unidos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015), e em 1958, iniciaram-se os primeiros cultivos comerciais no México, no estado de Sonora (BONETTI, 1983; BARROS; SEDIYAMA, 2009).

No Brasil, a primeira referência de cultivo da soja data de 1882, na Bahia (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Porém pelo fato das cultivares utilizadas na época serem provenientes dos Estados Unidos, a soja não se adaptou à região, que possui uma latitude em torno de 12° Sul (DALL'AGNOL, 2016). A partir de 1891, novas cultivares foram introduzidas em Campinas, São Paulo, em latitude em torno de 22° 54' Sul, onde apresentaram melhor adaptação.

A partir dos anos 40, a soja foi introduzida oficialmente no Rio Grande do Sul (DALL'AGNOL, 2016), sendo que por volta de 1935 a produção para fins comerciais no estado tinha como finalidade a alimentação de suínos. Em 1930, foi inserida em Santa Catarina (SEDIYAMA, SILVA; BORÉM, 2015) e em 1920, em Minas Gerais. No estado de Goiás, seu cultivo ocorreu em 1950 e nos demais estados das regiões Centro-Oeste, Norte e Nordeste ocorreram por volta de 1970 (SEDIYAMA, SILVA; BORÉM, 2015).

A partir da década de 1960, a cultura passou a adquirir importância no Brasil, inicialmente na região Sul (latitude de 30 a 22 ° S) onde apresentou melhor adaptação, devido à semelhança com as regiões tradicionais de cultivo no mundo. Posteriormente, foi observada expansão da área plantada dessa leguminosa da região Sul, rumo ao Cerrado (latitude de 20 a 5 °S) (DALL'AGNOL, 2016).

2.2. Aspectos botânicos, morfológicos e genéticos da soja

A soja é uma planta que pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (Leguminosae), subfamília *Faboideae* (Papilionoideae), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009) e possui $2n=40$ cromossomos (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

É uma planta anual, ereta e que apresenta variabilidade quanto às suas características morfológicas que são sensíveis às variações ambientais (MEOTTI et al., 2012). As flores são perfeitas, ou seja, possuem órgãos masculinos e femininos protegidos dentro da corola, o que contribui para a autofecundação em uma taxa maior que 95%, caracterizando a soja, como autógama (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009; (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). É uma espécie cleistógama, cuja fecundação do óvulo ocorre antes da abertura floral, fator esse que favorece a autogamia na espécie (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Vários fatores influenciam a taxa de fecundação cruzada na soja, como insetos, principalmente as abelhas, a cultivar, local e ano de cultivo (PEREIRA et al., 2007), distância entre plantas e manejo de pragas (ABUD et al., 2003), mas a taxa de fecundação cruzada, é em média de 2%, podendo atingir no máximo 2,5% em campo, sendo que, a partir dos 3 m de distância entre cultivares, é rara a ocorrência de fecundação cruzada (PEREIRA et al., 2012).

A estatura da soja varia entre 20 a 200 cm (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016), podendo apresentar ramificações. O ciclo (número de dias da emergência até a maturidade) varia de 75 a 200 dias (NOGUEIRA et al., 2013), podendo as cultivares mais precoces terem desenvolvimento completo em 70 dias e as tardias em 200 dias, de acordo com as condições de cultivo (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). O sistema radicular é do tipo pivotante, sendo a raiz principal bem desenvolvida e as secundárias em grande número (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Após a finalização do desenvolvimento embrionário, tem-se o eixo radícula-hipocótilo. O hipocótilo, que é a primeira porção desenvolvida do caule (MÜLLER, 1981), podendo ser roxo devido à presença de pigmentos antociânicos ou verde, é responsável por elevar os cotilédones e epicótilo acima da superfície do solo (KNITTLE; BURRIS, 1979). A cor do hipocótilo sinaliza a cor da flor devido ao efeito genético de pleiotropismo do gene W1/w1, ou seja, na presença de hipocótilo verde, a planta terá flores brancas, enquanto que plantas com hipocótilo roxo terão flores de mesma cor (NOGUEIRA et al., 2015). Os genes (W3/w3) e (W4/w4) controlam a intensidade da cor roxa (WOODWORTH, 1923).

Na sequência do desenvolvimento do caule, têm se o epicótilo, e após ele, os internódios, possuindo normalmente folhas trifolioladas (MÜLLER, 1981). O caule na maioria das cultivares é ortótrofo, porém ele pode sofrer influência das condições externas, é herbáceo, ereto (NEPOMUCENO et al., 2008) com porte variável de 0,60 cm a 1,50 cm, com pubescência cinza ou marrom, em diferentes tonalidades (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é classificada em três tipos de crescimento: determinado, quando há presença de inflorescência terminal e seu crescimento vegetativo é paralisado após o florescimento, ou que se estende no máximo 10% de sua altura final; semideterminada, presença de inflorescência terminal, porém a altura no florescimento representa 70% da altura final (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013; NOGUEIRA et al., 2015) ou indeterminada, ausência de inflorescência terminal e conseqüentemente contínuo desenvolvimento do caule (EMBRAPA, 2013).

As folhas da soja são cotiledonares (NOGUEIRA et al., 2015), as quais são sésseis e responsáveis pelo fornecimento de nutrientes, ao esgotarem-se metabolicamente, amarelam, murcham e caem (MÜLLER, 1981; SEDIYAMA et al., 1996); unifolioladas (NOGUEIRA et al., 2015), as quais são o primeiro par de folhas contendo um único folíolo inserido opostamente no primeiro nó e acima do nó cotiledonar, apresentando folíolos curtos, e as trifolioladas (NEPOMUCENO et al., 2008; NOGUEIRA et al., 2015), que são compostas por um folíolo terminal e dois laterais, e na maioria das cultivares, elas amarelam a medida que a planta entra na maturidade e caem quando as vagens estão maduras (EMBRAPA, 2013).

As flores da soja são zigomorfas e completas, ou seja, são formadas por cálice, corola, androceu e gineceu e podem ser brancas ou roxas de várias tonalidades. Por ser uma leguminosa, o fruto da soja é do tipo vagem, levemente arqueada, possuindo

geralmente de 2 a 7 cm de comprimento e largura de 1 a 2 cm. Contém de uma a cinco sementes, sendo que a maioria das cultivares apresentam duas ou três sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016) e possuem potencial para produzir até 400 vagens por planta, em condições normais de cultivo, entretanto, as cultivares brasileiras apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Ao amadurecerem, as cores das vagens evoluem da cor verde para o amarelo-pálido, marrom claro, marrom, cinza ou preta, variando de acordo com o pigmento antocianico, pelas condições de temperatura e umidade na maturação. Dois genes são responsáveis pela cor da vagem: L1/l1 e L2/l2, de tal forma que o genótipo l1l1L2L2 condiciona cor marrom (DESTRO; SEDIYAMA; GOMES, 1990). O número de vagens por inflorescência varia de 2 a mais de 20 e acima de 400 por planta.

O tegumento das sementes é amarelo, liso e brilhante devido às ceras presentes na cutícula, podendo ocorrer também genótipos foscos, e o peso das sementes varia de 2 a 40g por 100 sementes (MÜLLER, 1981; SEDIYAMA et al., 1996). No tegumento há o hilo, que é uma espécie de cicatriz que pode ser amarelo, cinza, marrom, marrom-claro, preto e preto imperfeito, podendo ocorrer variações nas tonalidades devido à origem genética e condições de cultivo (NEPOMUCENO et al., 2008).

Por fim, a pubescência da soja pode ser de coloração cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média ou marrom escura (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016), variando a intensidade, sendo essa característica condicionada pelo gene T/t, em que o genótipo recessivo condiciona cor cinza (WOODWORTH, 1923) e o gene Td/td controla a intensidade do pigmento marrom (BERNARD, 1975).

2.3. Crescimento e desenvolvimento da soja

O crescimento, desenvolvimento e rendimento da soja resultam da interação entre o potencial genético de um determinado cultivar com os fatores ambientais. Temperatura, altitude, umidade relativa do ar, precipitação pluviométrica, tipo de solo e fotoperíodo exercem efeitos sobre o desenvolvimento da cultura da soja e variam com as diferentes épocas do ano, apresentando variações mais acentuadas em regiões de maior latitude.

Fatores como seca, salinidade, altas e baixas temperaturas são responsáveis por grandes perdas de produtividade de grãos (BARBOSA et al., 2012), sendo que o déficit hídrico é o principal fator limitante, acarretando reduções de 24 a 50% (ROLLA et al.,

2013). Oscilações na disponibilidade de água podem ocasionar alterações bioquímicas, celulares, anatômicas, morfológicas, heliotrópicas, fisiológicas, além de desencadear a expressão diferencial de fatores transcricionais e de genes envolvidos com mecanismos de defesa à seca (MARCOLINO- GOMES et al., 2013).

A água é de extrema importância em todos os processos fisiológicos e bioquímicos (GLASENAPP; SEDIYAMA; MATSUO, 2015), sobretudo no período de germinação-emergência e floração-enchimento de grãos (LANTMANN, 2014), a semente precisa absorver 50% do seu peso em água para assegurar boa germinação (EMBRAPA, 2011). Na semeadura, é necessária uma precipitação de 450 a 800 mm/ciclo, dependendo de condições como temperatura, umidade relativa do ar, manejo e da duração do ciclo da cultivar. Após o início do florescimento, a deficiência hídrica prolongada reduz drasticamente a produção, sendo, necessária disponibilidade de água de 7 a 8 mm/dia⁻¹ (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016), principalmente sobre as cultivares com arquitetura mais eficiente na captação de luz, em decorrência de maiores taxas de fotossíntese e transpiração (CASAROLI et al., 2007).

A época de semeadura está entre os principais fatores que determinam a adequada instalação da população, crescimento, porte das plantas, reprodução, plena formação de grãos e rendimento (SILVA; SEDIYAMA; SOARES, 2016). Ela determina a exposição à variação dos fatores climáticos e o período indicado para o plantio, para a maioria das cultivares, estende-se de 15 outubro a 15 de dezembro (SILVA; SEDIYAMA; SOARES, 2016).

Semeaduras fora de época reduzem o porte e a produtividade das plantas; já o ciclo se encurta na medida em que a semeadura se posterga (EMBRAPA, 2013). Essas observações devem-se à maior ou menor precocidade do florescimento, a qual é estimulada por dias curtos e temperaturas altas (CÂMARA, 1998; EMBRAPA, 2013). Cada cultivar de soja tem uma resposta típica à época de semeadura em relação ao crescimento e florescimento (MARTIGNONE et al., 2006), por essa razão, os florescimentos precoces e portes baixos ocorrem com maior frequência em cultivares muito sensíveis às épocas semeadas antecipadamente (EMBRAPA, 2013).

A soja é uma espécie de dias curtos, isso significa que seu florescimento é induzido quando o comprimento do dia é menor que o fotoperíodo crítico da cultivar (BARROS; SEDIYAMA, 2009), tido como as horas de luz suficientemente curtas para induzir o florescimento (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM 2015). Sabe-se que essa sensibilidade varia entre cultivares (WATANABE; HARADA; ABE, 2012).

As cultivares de soja são classificadas em período juvenil curto ou longo. Quando são de período juvenil curto, elas são capazes de perceber o estímulo para indução floral a partir do estágio V2, e conseqüentemente irão apresentar estatura mais baixa. Entretanto, as cultivares de período juvenil longo, detectam o estímulo para indução floral somente a partir de V5, ou seja, elas possuem um longo período vegetativo em que são insensíveis ao fotoperíodo, dessa forma, elas atingem maior altura, maior peso de matéria seca e maior produção (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

De acordo com a sensibilidade que a cultivar apresenta em relação ao fotoperíodo, o período que vai da emergência ao florescimento é dividido em pré-indutivo, indutivo e pós-indutivo. Quando a cultivar encontra-se no estágio entre emergência e V1, folha unifoliolada desenvolvida, ela é incapaz de perceber o fotoperíodo, fase essa caracterizada como pré-indutiva. A partir de V1, a cultivar pode ser capaz de detectar o estímulo para o florescimento, caracterizando a fase indutiva, ou seja, seus meristemas vegetativos se transformarão em reprodutivos. Por fim, na fase pós-indutiva, o genótipo não é mais influenciado pelo fotoperíodo e inicia-se a diferenciação floral (WHATLEY; WHATLEY, 1982).

A faixa de temperatura que permite perfeito desenvolvimento da soja está entre 20 e 30 °C (GLASENAPP; SEDIYAMA; MATSUO, 2015), sendo 30 °C ideal para crescimento e desenvolvimento e 25 °C para rápida e uniforme emergência. O florescimento ocorre em temperaturas acima de 13°C e não ocorre sob temperaturas noturnas abaixo de 14 °C (EMBRAPA, 2013), sendo que temperaturas noturnas influenciam mais o florescimento que as diurnas (DESTRO; PIPOLO; KIIHL, 2001).

Temperaturas muito baixas retardam a entrada no período reprodutivo e restringem o acúmulo de matéria seca (DAROISH; HASSAN; AHAD, 2005), quando inferiores ou iguais a 10°C acarretam crescimento vegetativo nulo, e acima de 40°C, ocorrem efeitos adversos na taxa de crescimento, distúrbios na floração e redução na capacidade de retenção de vagens, que podem ser agravados se ocorrerem simultaneamente com estresses hídricos (EMBRAPA, 2013), além disso, causa prejuízos na multiplicação celular, precursora de alongação celular e crescimento da planta (EMBRAPA SOJA, 2011).

A temperatura influencia também a maturação das vagens. A ocorrência de altas temperaturas acelera a maturação, e quando associado à alta umidade relativa do ar, a qualidade da semente é comprometida (SEDIYAMA et al., 1996; NOGUEIRA et al., 2013).

2.4. Doenças da soja

O Brasil alcançou elevadas produtividades, entretanto muitas perdas de produção são relatadas na cultura da soja devido ao ataque de patógenos de etiologia variada. As doenças da soja são uma das principais barreiras para maximizar a produção de grãos, elas causam danos à produção e geram extensivos prejuízos aos produtores (LEMES; CASTRO; ASSIS, 2015).

Mundialmente mais de 100 doenças causadas por fungos, bactérias, nematoides e vírus, afetam folhas, hastes, vagens, sementes e raízes já foram relatadas na cultura da soja (HARTMAN; WANG; TSCHANZ, 1991; EMBRAPA, 2013). No Brasil, cerca de 40 doenças são listadas para a cultura (MATSUO; SEDIYAMA; GLASENAPP, 2015), e esse número continua aumentando com a expansão da soja para novas áreas, consequência da monocultura, alta agressividade de patógenos e a quebra da resistência genética (EMBRAPA, 2008; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Mais de 135 patógenos já foram descritos (ROY et al., 2000) e considera-se que mais de 35 espécies (EMBRAPA SOJA, 2011) podem causar danos significativos a essa oleaginosa. Os mais nocivos são os fungos e nematoides, seguidos pelas bactérias, vírus e fitoplasmas (VIDIC et al., 2013).

A soja possui potencial de rendimento de 4500 kg ha⁻¹ (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015), entretanto a incidência de doenças tem reduzido a produção da soja no mundo por muitos anos. A importância econômica das doenças varia entre os anos e regiões dependendo das condições climáticas da safra (MATSUO; SEDIYAMA; GLASENAPP, 2015). Estima-se cerca de 15 a 20% de perdas anuais em decorrência do ataque de fitopatógenos, entretanto, algumas doenças podem ocasionar perdas de quase 100% (EMBRAPA, 2013).

Devido à co-evolução entre hospedeiros e patógenos e o consequente surgimento de novas raças, cultivares resistentes necessitam ser continuamente desenvolvidas (ALZATE MARIN et al., 2005), além disso no manejo integrado de doenças e pragas, uma das estratégias preconizadas é o uso de cultivares resistentes. Elas são desenvolvidas pela transferência de alelos de resistência de fontes exóticas e, muitas vezes, não adaptadas, para as cultivares elite.

Os avanços da genética e epidemiologia têm proporcionado melhor entendimento das interações planta - patógeno. Esse tipo de relação envolve fatores genéticos de ataque do patógeno e de defesa no hospedeiro sob a influência do ambiente (FLOR, 1971). A resistência é de caráter qualitativa ou quantitativa, mas na maioria das vezes é poligênica,

envolvendo uma série de genes, com efeitos diferenciados, associados a um pronunciado efeito do ambiente, o que leva a uma variação fenotípica contínua na reação do hospedeiro.

Uma das doenças de maior importância na soja devido à alta virulência com que incide é a ferrugem asiática da soja (FAS). Trata-se do principal problema fitossanitário nas áreas produtoras de soja (NASCIMENTO et al., 2012) em áreas tropicais e subtropicais (CARVALHO; FIGUEIREDO, 2000). É uma doença muito destrutiva e sua importância pode ser avaliada por sua rápida expansão, agressividade e pelo montante de perdas causadas, atingindo níveis que, frequentemente, inviabilizam a colheita (YORINORI et al., 2005), além de estar presente em todas as áreas produtoras de soja (EDWARDS; BONDE, 2011). Para que o controle das doenças seja eficiente, é importante adotar medidas que integrem controle cultural, biológico, químico e genético (CASTRO; LEMES; ASSIS, 2015).

2.4.1. Ferrugem asiática da soja

A soja é infectada por *Phakopsora meibomiae* (origem América Latina) e *Phakopsora pachyrhizi* (origem Ásia- Austrália) (YORINORI et al., 2003). A ferrugem asiática da soja (ou australiana) é causada pelo patógeno biotrófico, pertencente ao reino Fungi, classe *Urediniomycetes*, ordem *Uredinales*, família *Phakopsoraceae* (GOELLNER et al., 2010), espécie *Phakopsora pachyrhizi* Sydow e Sydow. Ele é biotrófico porque depende nutricionalmente dos tecidos vivos da soja verde ou de outro hospedeiro, dos quais extrai os nutrientes essenciais a suas atividades vitais, apresentando assim menor número de oportunidades ou mecanismos para sobrevivência do que os necrotróficos (REIS; BRESOLIN; CARMONA, 2006a). Além disso, o fungo secreta proteínas envolvidas na supressão da resposta de defesa e manipulação do metabolismo do hospedeiro (PANSTRUGA; DODDS, 2009).

A FAS foi descrita pela primeira vez no Japão, em 1903 (ONO; BURITICA; HENNEN, 1992) e em 1914 já havia se disseminado para diversos países do sudeste da Ásia. No continente africano, foi registrado pela primeira vez em 1980 em Togo (MAWUENA, 1982), depois em Uganda em 1996 (KAWUKI; ADIPALA; TUKUMUHABWA, 2003) em seguida em 1998 no Kênia e Ruanda (REIS; BRESOLIN, 2004). Em 2001, foi encontrada na África do Sul e na Nigéria (AKINSANMI; LADIPO; OYEKAN, 2001), atingindo um caráter epidêmico (PRETORIUS; KLOPPERS,

FREDERICK, 2001). Em 2007, a ferrugem foi relatada também em Gana (BANDYOPADHYAY et al., 2007).

No ano de 1976, foi reportada pela primeira vez no continente americano, em Porto Rico (VAKILI; BROMFIELD, 1976), seguido pelo Havaí em 1994 (KILLGORE; HEU, 1994).

Em 1979, Deslandes identificou a doença inicialmente em soja perene (*Glycine wightii*), feijão de lima (*Phoscolis lunatus var. macrocorpus*) e em soja (*Glycine max*) em Lavras-MG. Na safra 1990/1991 níveis epidêmicos foram atingidos em São Gotardo e Presidente Olegário. Na safra 2001, foram relatadas perdas de mais de 50% da produtividade (HENNING; GODOY, 2006), e foi estimada em regiões da Bahia e Mato Grosso perda de 3,1 milhões de toneladas, o equivalente a 677 milhões de dólares. Em estados como Rio Grande do Sul, Goiás e Minas Gerais ocorreram perdas na faixa de 63% (YORINORI et al., 2005).

No ano de 2003, foram estimadas perdas totais no Brasil de 3,4 milhões de toneladas, o equivalente a 759 milhões de dólares. O patógeno encontrou nas condições brasileiras, ambiente extremamente favorável ao seu desenvolvimento, que aliado à presença de hospedeiro suscetível favoreceu a ocorrência de epidemias constantes (EMBRAPA, 2006).

Devido ao surto da doença, 80% das áreas produtoras de soja no Brasil (18 milhões de hectares) em 2003 apresentaram em média duas aplicações de fungicidas, ao custo de 40 dólares por hectare, totalizando 592 milhões de dólares no controle da ferrugem. Portanto, o custo da ferrugem asiática para os agricultores brasileiros em 2003 atingiu o valor de 2 bilhões de dólares (YORINORI et al., 2005). Essa epidemia ocorreu nas regiões brasileiras devido a uma nova e agressiva raça de *P. pachyrhizi*, que foi capaz de quebrar a resistência das variedades comerciais disponíveis (YORINORI et al., 2005).

A doença foi também reportada na Argentina em 2002 (ROSSI, 2003), e em 2003, na Bolívia (NAVARRO et al., 2004) e Colômbia (REIS; BRESOLIN; CARMONA, 2006a) progredindo em 2004 para o Uruguai (STEWART et al., 2005) e em 2005 no Equador (SOTOMAYOR- HERRERA, 2005), México (CÁRCAMO- RODRÍGUEZ; AGUILAR RIOS; HERNADEZ, 2006; YAÑEZ-MORALES et al., 2009) e Estados Unidos (SCHNEIDER et al., 2005).

Atualmente a ferrugem asiática está presente em todos os países produtores de soja. Em apenas três anos (2001 a 2003), essa doença disseminou-se por todas as regiões

produtoras de soja do Brasil e, em quatro anos, atingiu todo o continente americano, sendo detectada nos EUA mais precisamente em novembro de 2004 (LYNCH, 2006).

Os danos causados pela ferrugem no Brasil, em 11 safras (2001/02 a 2011/12), foram estimados em 15 milhões de toneladas de soja, resultando em um custo total, envolvendo as perdas mais o controle, de 19 bilhões de dólares (EMBRAPA, 2013).

O fungo *P. pachyrhizi* produz dois tipos de esporos: uredósporos e teliósporos (HARTMAN et al., 2015), porém apenas os uredósporos são importantes para a epidemia. A fase telemórfica do fungo apresenta teliósporos irregularmente distribuídos em camadas de 2 a 7 esporos. A cor das paredes varia do amarelo ao pardo claro, mas também podem ser hialinos, tendo espessura de 1,0 µm até 3,0 µm nos esporos mais externos da camada (REIS et al., 2006a). A formação dos teliósporos é rara na maioria dos hospedeiros nas regiões tropicais, pois não há condições favoráveis como a umidade e a temperatura (YEH; TSCHANZ; SINCLAIR, 1981).

Na fase anamórfica os uredósporos são liberados pelas urédias. Eles são mais comuns de serem produzidos, medem 15-24 x 18-34 µm e são ovoides, com paredes de 1,0 µm de espessura e densamento equinulados, hialinos, amarelo ou marrom claro. Os uredósporos podem ser expulsos em coluna pelo poro central das urédias, e germinam dentro de 3-6 horas de incubação a 14-29 °C (HARTMAN et al., 1999).

Os esporos secos do fungo são disseminados pelo vento (HARTMAN et al., 2015) ou pelo movimento do homem entre áreas. (HARTMAN et al., 2015). A disseminação pelo vento ocasionou a presença do patógeno em todas as principais regiões brasileiras produtoras (SOUSA, 2016).

O sucesso da infecção do patógeno depende da sequência de eventos determinada pela germinação de esporos, formação de apressório e penetração. Cada um desses eventos e a subsequente colonização e esporulação são influenciadas por fatores bióticos e abióticos. A intensidade da ferrugem asiática relaciona-se com frequência das chuvas (GODOY et al., 2009) devido ao período de molhamento foliar (PMF), associada a temperatura, pois ambos fatores influenciam no processo de infecção e esporulação (BONDE et al., 2007).

O fungo possui uma ampla faixa de adaptação de temperatura, variando entre 7 e 28 °C (ALVES; FURTADO; BERGAMIN FILHO, 2006), com temperatura ótima entre 18 e 26 °C (BONDE et al., 2007;), entretanto, existem relatos de que a germinação pode ocorrer entre 5 até 30 °C (NICOLINI et al., 2010a), com 6 a 12 horas de molhamento na superfície das plantas (MELCHING et al., 1989), sendo ideal para o fungo PMF de 10 horas diárias

(SOUSA, 2016). A umidade continua da folha causada pelo orvalho ou chuva favorece o desenvolvimento da doença (DEL PONTE et al., 2006).

Observações sobre a evolução da FAS mostraram uma alta relação de severidade da doença com os períodos de chuva que as lavouras são expostas durante a safra. As boas distribuições de chuvas em várias regiões brasileiras deixam mais vulneráveis os plantios e as variedades tardias (EMBRAPA SOJA, 2011). Isso se deve à característica incomum de *P. pachyrhizi* permanecer com seus uredinosporos firmemente juntos, não sendo facilmente liberados pela ação do vento, no entanto, as gotas de chuva, pelo efeito do “*splash*” ou pelo impacto que causam nas folhas, liberam os esporos. Assim, a epidemia sempre é suprida com urédias novas pois, independentemente da temperatura, a chuva encarrega-se de disseminar os esporos produzidos (BERGAMIN FILHO, 2006).

Existem também fatores com efeito negativo na germinação de uredósporos, como a radiação solar. Quando expostos a radiação solar de cinco horas, a germinação é inibida, e à medida que o tempo de exposição aumenta, a taxa de germinação dos uredosporos diminui (NICOLINI et al. 2010b).

A infecção de *P. pachyrhizi* é por penetração direta sobre a cutícula com a formação do apressório (ZAMBENEDETTI; ALVES, 2007a), seis horas após a deposição (KOCH; EBRAHIN- NESTAB; HOPPE, 1983). Ao contrário de outros patógenos, esse fungo infecta rápido e facilmente a planta, pois não precisa de estômatos ou ferimentos para iniciar o processo infeccioso (JULIATTI; POLIZEL; JULIATTI, 2004).

Esse fungo pode infectar naturalmente uma vasta gama de espécies vegetais, incluindo 95 espécies em 42 gêneros, e outras plantas da família *Fabaceae*, citando como principais hospedeiros as espécies *Glycine max*, *Glycine sojae*, *Pachyrhizus erosus*, *Pueraria lobata* e *Vigna unguiculata* (ONO; BURTICA; HENNEN, 1992). Além disso, 60 espécies de plantas pertencentes a 26 gêneros foram infectados experimentalmente sob condições controladas podendo atingir até 90 espécies (RYTTER et al., 1984). Essa ampla gama de hospedeiros, incomum para a maioria das espécies de ferrugem, é resultado de genes que contribuem para um complexo padrão de agressividade (HARTMAN et al., 2005).

As plantas de soja são suscetíveis ao fungo em todos os estádios de desenvolvimento (HSU; WU, 1968; BROMFIELD, 1976) e os sintomas podem aparecer em diferentes partes da planta, como cotilédones, folhas e hastes, sendo os sintomas foliares os mais característicos (REIS et al., 2012). No estado inicial, os sintomas da ferrugem são facilmente confundidos com outras doenças, como pústula bacteriana

(*Xanthomonas axonopodes* pv *glycines*), cretamento bacteriano (*Pseudomonas savastoni* pv. *glycinea*) e mancha parda (*Septoria glycines*), entretanto a confirmação da ferrugem é feita pela constatação na face abaxial da folha, de saliências, que correspondem as urédias.

Nas folhas os primeiros sintomas são caracterizados por minúsculos pontos mais escuros que os tecidos sadios. A cor das lesões varia do cinza esverdeada ao marrom avermelhado, com correspondentes protuberâncias (varias urédias globosas) na parte abaxial da folha (HARTMAN; SINCLAIR; RUPE, 1999; ALMEIDA et al., 2005). Esporadicamente as urédias podem aparecer na parte superior das mesmas (ALMEIDA et al., 2005; GARCÉS, 2010).

Na parte abaxial, o número de lesões e urédias podem atingir até 26 e 46cm² em condições controladas, respectivamente (GARCÉS et al., 2010b) ou 232 e 375 por cm² a nível de campo (GARCÉS, 2010). Em trabalho realizado em laboratório procurando o umbral numérico de infecção da ferrugem asiática, Garcés et al. (2010a), relata que 556 uredósporos são necessários para formar uma urédia, entretanto, 909 uredósporos para originar uma lesão.

Inicialmente observam-se áreas foliares cloróticas em forma poligonal devido à limitação imposta pelas nervuras ao crescimento das hifas, podendo atingir um tamanho de 2-5 mm² (SINCLAIR; BACKMAN, 1993; REIS et al., 2006a), nas folhas baixas no estágio fenológico próximo ou após o florescimento (REIS et al., 2006a). Na evolução, as pústulas adquirem cor castanho-clara a castanho-escuro, e se abrem em um minúsculo poro, expelindo os uredósporos de coloração hialina (ALMEIDA et al., 2005).

À medida que prossegue a esporulação, os tecidos da folha ao redor das primeiras urédias adquirem coloração castanho-clara ou castanha avermelhada. As lesões castanho-claras são conhecidas como lesões suscetíveis, TAN (tanish) ou tolerantes, com abundante esporulação. Já as lesões castanhas avermelhada são indicativas de resistência, conhecidas como lesões RB (redish brown) e apresentam esporulação restrita (ALMEIDA et al., 2005; MILES et al., 2006).

No estágio final, a lavoura caracteriza-se por amarelecimento geral da folhagem com intensa desfolha, redução da atividade fotossintética e redução do ciclo (REIS et al., 2006). A queda prematura das folhas prejudica a formação dos grãos (YORINORI et al., 2003) e quando a doença atinge a soja na fase de formação das vagens pode causar o aborto e queda das mesmas (YORINORI et al., 2003). O efeito cumulativo da ferrugem sobre a produção se traduz no menor peso das sementes e na redução do número de vagens e de sementes.

Em todo o mundo, as áreas de produção de soja onde a ferrugem ocorre podem ser divididas em dois tipos: onde o fungo sobrevive todo o ano se um hospedeiro adequado estiver presente e onde as epidemias de ferrugem sazonal dependem da dispersão de longa distância do inóculo de uma área fonte (LI et al., 2010). As condições ambientais em grande parte do Brasil, Paraguai e Bolívia são favoráveis à sobrevivência durante todo o ano do patógeno, enquanto a ocorrência de epidemias de ferrugem na Argentina e nos Estados Unidos depende da dispersão de uredósporos produzidos em áreas distantes dessas regiões (LI et al., 2010).

O controle da ferrugem requer diversas medidas conjuntas, como o monitoramento de lavoura, semeadura de cultivares precoces que escapem do período de maior potencial de inóculo (YORINORI; WILFRIDO, 2002), evitar plantios adensados e uso de cultivares resistentes, aplicação de fungicidas (SOARES et al., 2004) o qual pode ser realizado preventivamente pela aplicação dos fungicidas: estrobilurinas e triazóis, após o início da floração ou no aparecimento dos primeiros sintomas (HENNING, 2009). Após a ferrugem ser introduzida no Brasil, o número de fungicidas aumentou de 5 em 2002 para 117, em 2015 e na ausência de medidas de controle, têm sido reportadas perdas de produção de até 90% (HARTMAN et al., 2015).

Outro manejo adequado e obrigatório às áreas produtoras de soja é o vazio sanitário, período em que não é permitido cultivo da soja e há obrigatoriedade da eliminação de plantas voluntárias. Esse período de vazio sanitário foi definido entre 15 de julho a 15 de setembro (90 dias) para o Mato Grosso, em 2007, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Maranhão e Minas Gerais também instituíram o vazio sanitário e em 2008 foi adotado em todos os outros estados produtores de soja, com algumas variações no início e fim do período, dependendo do estado.

Entretanto, a resistência genética é o método mais eficaz para o controle da ferrugem, devido à redução dos custos de produção, facilidade de manejo e menor impacto ambiental (LIMA et al., 2012), além disso, o uso de cultivares resistentes aumenta a eficiência e reduz a pressão de seleção para a resistência aos fungicidas.

2.5. Melhoramento genético da soja

O estabelecimento da soja como uma cultura de elevada importância econômica no Brasil ocorreu devido ao desenvolvimento de tecnologias de produção e ao melhoramento

genético, o qual foi capaz de disponibilizar centenas de cultivares mais produtivas, estáveis e adaptadas (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

Os programas de melhoramento genético de soja no Brasil resultaram no desenvolvimento de novas cultivares que permitiram ganhos em produtividade entre 1,5% e 2% ao ano (LEITE et al., 2015). Além disso, a adoção de instrumentos legais internacionais e consequente aperfeiçoamento das leis brasileiras (Lei de Proteção de Cultivares, Lei de Sementes, etc.) abriram espaço para o investimento privado no desenvolvimento de cultivares de soja (TOLEDO et al., 2004).

O melhoramento genético da soja, como processo contínuo e dinâmico, envolve o desenvolvimento da variabilidade para características como produtividade, resistência a pragas e doenças, qualidade nutricional, estabilidade e adaptabilidade nas diferentes regiões e sistemas de cultivos, identificando os genótipos superiores e multiplicando as sementes para a produção comercial.

Estão envolvidas fases de escolha dos progenitores, desenvolvimento de populações, processos de avaliação e seleção, até a recomendação de cultivares. Primeiramente são escolhidos os genitores, essa etapa é de fundamental importância, pois é nela que é possível incrementar a variabilidade genética, a qual é necessária para o sucesso do melhoramento (PÍPOLO et al., 2007; NOGUEIRA et al., 2015).

As populações segregantes são desenvolvidas pelos cruzamentos entre parentais que possuam características específicas que permitam rendimentos mais elevados. Em seguida, elas são conduzidas por várias gerações para obtenção da homozigose (MILADINOVIĆ et al., 2010). A partir das gerações avançadas, selecionam-se plantas superiores para testes de progênies e selecionam-se linhagens com características agronômicas de interesse (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Avalia-se então a produtividade e estabilidade de produção das linhagens mais promissoras. Na seleção de genótipos superiores, é obrigatório empregar ensaios de avaliações, repetidos em vários ambientes e a possível adaptação em função da produtividade e estabilidade (SOUSA, 2015).

No Brasil, os programas de melhoramento da soja consideram as seguintes características: ciclo, grupo de maturidade, tipo e hábito de crescimento, período juvenil para indução floral, altura da planta e da inserção da primeira vagem, resistência ao acamamento e a deiscência das vagens, qualidade das sementes, resistência a doenças e pragas, adaptabilidade e estabilidade de produção de grãos, tolerância a herbicidas e qualidade de sementes (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Vários métodos de seleção são usados para condução de populações segregantes. Os mais comuns incluem: seleção genealógica, descendente de uma única vagem (SSD), melhoramento por bulk (ORF; DIERS; BOERMA, 2004), descendente de uma única vagem e teste de gerações precoces (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES; 2015).

Os marcadores moleculares também são bastante úteis, principalmente nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento, quando apresentarem proximidade aos alelos de resistência, podendo, portanto ser usados na seleção assistida por marcados (S.A.M.). Nas etapas finais, as inoculações ou exposição da planta ao patógeno em condições de campo são imprescindíveis para confirmar a seleção indireta feita por marcadores (ALZATE MARIN et al., 2005).

Os marcadores podem também ser utilizados para características de difícil mensuração, como a resistência a nematoides, que é determinada pelo exame direto de cistos na raiz e no processo de piramidação de alelos de resistência. Essa é uma estratégia considerada como uma forma de desenvolver cultivares com resistência duradora e de amplo espectro (ALZATE MARIN et al., 2005).

2.5.1. Melhoramento visando resistência a ferrugem

A ferrugem asiática representa um desafio para os programas de melhoramento genético, pois o fungo causador da doença possui a habilidade de gerar novas raças virulentas e quebrar a resistência vertical rapidamente (MATSUO; SEDIYAMA; GLASENAPP, 2015). A resistência da planta a um determinado patógeno é definida como a capacidade da planta em atrasar ou evitar a entrada ou a subsequente atividade de um patógeno em seus tecidos (NOSOJA et al., 2005).

Plantas resistentes apresentam reações de hipersensibilidade que consistem na mudança drástica da atividade metabólica das células vegetais ao redor do sítio de invasão e a resistência é induzida, ocorrendo uma rápida morte celular no local da infecção (HAMMOND- KOSACK; JONES, 1996; DURRANT; DONG, 2004; HENNING et al., 2010) impedindo a disseminação do patógeno, não ocorrendo portanto redução significativa da área foliar da planta e conseqüentemente perda de produtividade de grãos são evitadas.

A longevidade da resistência pode ser proporcionada pela resistência parcial, normalmente controlada por muitos genes e efetiva contra um número maior de raças, em

que a planta é atacada por um patógeno na mesma intensidade que outras plantas, mas como resultado da infecção sofre menos danos em termos de produtividade ou qualidade do produto (ROBINSON, 1969). Por meio de seleção e cruzamentos entre germoplasmas que apresentam graus de resistências, espera-se obter cultivares que permitam reduzir o número de aplicações de fungicidas (YORINORI; LAZZAROTTO, 2005).

O primeiro passo no desenvolvimento de genótipos resistentes à ferrugem é identificar as fontes de resistência a essa doença, e em seguida realizar os cruzamentos entre os genótipos resistentes e cultivares locais para criar genótipos adaptados às condições locais. Por fim, identifica-se quais desses novos genótipos são resistentes a FAS e mantêm sua produtividade em um nível elevado.

Os genes de resistência à ferrugem asiática possuem efeitos predominantemente aditivos e estão dispersos nos parentais (RIBEIRO et al., 2007; PIEROZZI et al., 2008). Sete genes já foram identificados condicionando resistência: *Rpp1* (MCLEAN; BYTH, 1980; HARTWIG e BROMFIELD, 1983), *Rpp1b* (RAY et al., 2011), *Rpp2* (BROMFIELD; HARTWIG, 1980), *Rpp3* (HARTWIG; BROMFIELD, 1983), *Rpp4* (HARTWIG, 1986) e *Rpp5* (GARCIA et al., 2008) e *Rpp6* (LI et al., 2012). No Brasil, a resistência conferida pelos genes *Rpp1* e *Rpp3* foi quebrada pelo novo isolado da ferrugem-asiática proveniente do Brasil Central (ARIAS et al., 2004; YORINORI; NUNES JUNIOR; LAZZAROTO, 2004). Adicionalmente, foram identificados no loco *Rpp1* alelos alternativos de resistência e mais alelos alternativos provavelmente existam em outros locos (RAY et al., 2011).

A obtenção de genótipos contendo genes de efeitos maiores (resistência vertical) e menores (resistência horizontal) garante ao melhoramento um maior sucesso. Apesar de a resistência vertical ser mais fácil e rapidamente obtida, ela não apresenta resultados duradouros (LIMA et al., 2012) pois *P. pachyrhizi* possui várias raças virulentas e habilidade de reter fatores de virulência em alta frequência, fazendo com que a resistência vertical não seja durável.

A resistência horizontal, em que cada gene confere um pequeno efeito, é um tipo de resistência efetiva contra um número maior de raças do fungo e sua ação consiste em reduzir a taxa de desenvolvimento da doença. Ela pode atuar sobre fatores como período latente mais longo, número e tamanho reduzido de lesões, número de úredias e de esporos por lesão e viabilidade inferior dos esporos (ARIAS et al., 2008).

2.6. Parâmetros genéticos da soja

A variância fenotípica é decomposta em três componentes principais: a variação produzida pelo ambiente, variação devido às diferenças genéticas e variação devido aos efeitos conjugados do meio e da genética (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A expressão genética é resultado da soma dos efeitos genéticos aditivos, dominância e epistáticos. O sucesso de um programa de melhoramento depende basicamente da quantidade da variação genética aditiva e, sobretudo, do valor relativo dessa em relação ao valor fenotípico total.

As estimativas dos parâmetros genéticos são importantes para se conhecer a estrutura genética da população para fins de seleção, fazer a inferência de sua variância genética e prever os valores genéticos (BALDISSERA et al., 2014). O parâmetro mais importante corresponde à variância genética aditiva (σ_A^2), pois ela contribui plenamente para a resposta à seleção, sendo a principal causa da semelhança entre parentes, portanto, um indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Um dos parâmetros genéticos mais úteis ao melhorista é a herdabilidade, representada pelo símbolo H^2 , derivada da terminologia de Wright (1921). Ela expressa a razão da variância genética pela variância fenotípica total (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Sua importância deve-se ao seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, pois o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado e está relacionada aos ganhos de seleção, em que, quanto maior a herdabilidade, maior será o sucesso na seleção (RAMALHO et al., 2012).

A herdabilidade auxilia também na escolha de métodos e caracteres utilizados nas etapas dos programas de melhoramento (VASCONCELOS et al., 2012), além de fornecer subsídios para definição das estratégias de seleção bem como auxiliar a predição de ganhos obtidos (FEHR, 1987). Estimativas de herdabilidade podem ser obtidas no sentido amplo e no sentido restrito, sendo que no sentido amplo envolve toda a variância genética, sendo importante no caso de plantas de propagação vegetativa, as quais herdam integralmente o genótipo, e no sentido restrito, considera-se apenas a variância genética aditiva.

O coeficiente de herdabilidade pode variar entre 0 e 1. Quando H^2 for igual ou superior a 0,7, tem-se alta herdabilidade, o fenótipo é completamente determinado pelo genótipo, não tendo o ambiente influência sobre a manifestação do caráter (ALLARD, 1974) e a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo o

seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (ROBINSON, 1963; FALCONER; MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

Alguns fatores podem alterar os valores de H^2 , como o método utilizado na estimação, diversidade da população, nível de endogamia, tamanho da amostra, número e tipo de ambientes, unidade experimental e a precisão na condução do experimento e na coleta dos dados (BORÉM; MIRANDA, 2013), desse modo às estimativas não devem ser comparadas, com exceção de quando as condições experimentais forem iguais e controladas (ROBINSON, 1963).

Para caracteres quantitativos, como produção de grãos, as estimativas de H^2 são menores em comparação aos demais caracteres agrônômicos (DESTRO et al., 1987; BACKES et al., 2005; MUNIZ et al., 2002). A altura de planta na maturidade apresenta, ao contrário da produção de grãos, herdabilidade mais elevada.

Backes et al. (2003) avaliando cinco populações de soja, três na geração F6 e duas na F5, utilizando um esquema experimental de famílias intercaladas de progenitores, obteve estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre famílias variando de 59,4% a 92,2% para esse caráter. Santos et al. (1995), Triller e Toledo (1996), Taware, Halvankar e Raut (1997), Azevedo (2000) também obtiveram estimativas de moderadas a altas para o caráter altura da planta.

Leite et al. (2015) ao avaliarem caracteres de interesse agrônômico em uma população de 28 genótipos de soja, encontraram H^2 no sentido amplo acima de 70% para altura de planta no florescimento e maturidade, altura de inserção de primeira vagem, número de nós e número de vagens.

Teixeira et al. (2017) obteve estimativas de H^2 acima de 70% para número de dias para o florescimento (93,23%), número de dias para a maturidade (90,78%), peso de cem grãos (85,45%), produtividade de grãos (83,42%), altura de plantas no florescimento (72,38%) e número de nós no florescimento (71,78%) ao avaliarem 37 genótipos de soja, no município de Uberlândia –MG.

Em estudo visando à resistência e/ou tolerância da soja a ferrugem asiática, expresso por genes maiores e menores, foi identificado que a resistência é controlada por genes maiores e menores dispersos nos parentais que expressam ação predominantemente aditiva. A herdabilidade no sentido restrito da produtividade de grãos, na presença da ferrugem, variou de média a alta (0,324 a 0,815), demonstrando ser possível selecionar

linhagens resistentes já nas gerações iniciais dos programas de melhoramento (LIMA; PRETE; RIBEIRO; TOLEDO, 2012).

2.7. Diversidade genética em soja

A diversidade genética é a soma de todas as informações genéticas contidas nos genes das plantas, animais e microorganismos. No entanto, no melhoramento de plantas, essa definição inclui apenas os genes essenciais para o desenvolvimento dos caracteres agronômicos, ou seja, os genes que podem expressar características úteis baseando a tomada de decisão nos cálculos de progresso esperado com a seleção (PARRA, 2011). Sabe-se que, quando explorada adequadamente, ela pode reduzir a vulnerabilidade da cultura a doenças e, concomitantemente, acelerar o progresso genético para determinado caráter (CUI et al., 2001).

Com exceção da China que é o centro de origem da soja, os germoplasmas dos programas de melhoramento genético foram formados por um pequeno número de linhagens ancestrais, com base genética estreita (MIRANDA et al., 2007), o que acarretou no parentesco entre grande parte das cultivares, inclusive as brasileiras (VELLO; HIROMOZO; AZEVEDO FILHO, 1988; PRIOLLI et al., 2004; MIRANDA, 2005; BONATO et al., 2006; MIRANDA et al., 2007; WYSMIERSKI, 2011; WYSMIERSKI; VELLO, 2013; PRIOLLI et al., 2013; RODRIGUES et al., 2017).

Devido à introdução de germoplasmas americanos no Brasil, um alto grau de parentesco entre cultivares e linhagens americanas e brasileiras é constatado (ALCANTARA NETO, 2001). No início do cultivo da soja no Brasil, cerca de 70% das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, descendiam das cultivares americanas Hill, Hood, ou ambas (BONETTI, 1983). Yamanaka et al. (2007) citam que Cateli e colaboradores, ao estudarem 437 cultivares comerciais brasileiras, lançadas entre 1968 e 2001, utilizando marcadores moleculares microsátélites, verificaram que as cultivares são oriundas de um limitado número de variedades.

Priolli et al. (2004) ao estudarem a diversidade genética da soja nas três últimas décadas e entre programas de melhoramento genético no Brasil, desenvolvidos por empresas públicas e instituições privadas, constataram que os programas de melhoramento genético de soja no Brasil apresentam maior variabilidade intra do que intergrupos e que o germoplasma brasileiro mantém variabilidade genética constante nos últimos 30 anos de expansão e melhoramento da cultura.

Wysmierski e Vello (2013) mostraram que apenas 60 genótipos ancestrais contribuem para a constituição de 444 cultivares, um número proporcionalmente baixo em relação a quantidade de cultivares envolvidas.

O sucesso do melhoramento genético ou da conservação de espécies depende do conhecimento da quantidade de diversidade presente (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). O estudo da divergência genética baseia-se em caracteres agrônômicos, morfológicos, coeficiente de parentesco ou ainda moleculares, empregando técnicas multivariadas, as quais permitem unificar informações de um conjunto de caracteres (ODA et al., 2015; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O conhecimento sobre a divergência genética possibilita identificar indivíduos com melhor capacidade específica de combinação e heterose, permite ainda que o melhorista concentre seus esforços naqueles cruzamentos que são mais promissores (ABREU et al., 2004), identificando genitores divergentes e com potencial para formação de híbridos e populações segregantes. Ao utilizar parentais contrastantes, têm-se maior variabilidade genética e maior probabilidade de arranjo de alelos em combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011).

Diversas metodologias podem ser empregadas nos estudos da divergência genética, variando de acordo com os objetivos do pesquisador e facilidade de interpretação de resultados. Entre os diversos métodos empregados, destacam-se os métodos de agrupamentos (hierárquico e otimização), as variáveis canônicas e os componentes principais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os métodos de agrupamento dividem um grupo original de observações em vários subgrupos, para que se obtenha homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos. Para essa análise é necessária uma medida de dissimilaridade previamente estimada as quais são a distância euclidiana e distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

A distância de Mahalanobis é obtida a partir de dados quantitativos com repetições, a qual é muito empregada em estudos de divergência (MULATO et al., 2010). Ela possui a vantagem de considerar a existência de correlações entre os caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados em um processo que se repete em vários níveis até que um dendrograma seja obtido. As delimitações são estabelecidas visualmente, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-se

em geral, como delimitadores do número de genitores para determinado grupo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Após a obtenção da medida de dissimilaridade, pode-se realizar o agrupamento do genótipo pelo método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA). É uma metodologia muito utilizada em estudos de diversidade, o qual identifica grupos de genótipos mais similares (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Yamanaka et al. (2007) ao estudarem sobre a relação genética entre cultivares da China, Japão e Brasil utilizando a metodologia de agrupamento UPGMA e técnicas de componentes principais demonstraram que o pool gênico do Brasil é distinto dos outros países estudados.

Santos et al. (2011) concluíram ao estudarem 48 genótipos de soja que o método UPGMA e Tocher obtiveram os mesmos resultados. Zambiazzi et al. (2017) em estudo com 48 genótipos de soja obtiveram a formação de dois grupos distintos com a mesma constituição presente no método de Tocher.

Os métodos de otimização baseiam-se na partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida de dissimilaridade preestabelecida (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Entre os métodos de otimização mais utilizados, destaca-se o método de Tocher, no qual se formam grupos mutuamente exclusivos (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007). Normalmente o uso do agrupamento de Tocher é associado ao método UPGMA (ARRIEL et al., 2006).

Vilela et al. (2014) ao estimarem a diversidade genética em 74 cultivares de soja transgênica de diferentes programas de melhoramento brasileiro, baseadas em técnicas estatísticas multivariadas a partir de características fenotípicas e marcadores moleculares de microssatélites (SSR), concluíram que os métodos UPGMA e de Tocher separaram os genótipos em sete grupos distintos.

Existem metodologias que permitem visualizar a dispersão dos genótipos em planos 2D ou 3D, a partir dos quais é possível inferir sobre os grupos. Entre eles, destacam-se os componentes principais e variáveis canônicas, sendo que o primeiro não exige dados com repetições.

A análise de componentes principais também é frequentemente utilizada para estudar a divergência genética (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Nessa técnica, reduz-se um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de mesma dimensão, os componentes principais (VASCONCELOS et al., 2007), de modo que pela dispersão

gráfica dos componentes e pela sua análise visual seja possível a identificação de grupos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Por fim, a análise da divergência genética por variáveis canônicas objetiva a simplificação estrutural dos dados amostrais, de forma que diferenças entre tratamentos, em princípio influenciadas por um conjunto maior de variáveis, possam ser avaliadas em espaços bidimensionais ou tridimensionais de fácil interpretação geométrica, o que possibilita a identificação de grupos similares (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Santos et al. (2011) avaliando por meio de técnicas multivariadas a divergência genética entre 48 genótipos de soja, no estado do Tocantins, relataram a concordância entre os métodos de Tocher, UPGMA e as variáveis canônicas na constituição de grupos de genótipos.

Machado et al. (2017) ao estudarem a diversidade genética em 24 genótipos de soja, utilizou a análise das variáveis canônicas para representação gráfica e percebeu que os genótipos foram agrupados em sete grupos distintos, concordando parcialmente com os resultados obtidos pelos métodos de Tocher e UPGMA.

2.8. Interação genótipos x ambientes

O objetivo básico dos programas de melhoramento genético são a seleção e obtenção de genótipos mais produtivos, sendo que a expressão desse potencial é em função dos componentes genéticos, ambientais e da interação entre genótipos e ambientes. Essa interação, caracterizada como o comportamento diferencial dos genótipos devido às variações ambientais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), dificulta a avaliação do potencial produtivo e a seleção de materiais superiores, inflaciona as estimativas de variância genética resultando em superestimativas dos ganhos esperados com a seleção e em um menor êxito dos programas de melhoramento (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O componente ambiente, que pode afetar a expressão fenotípica do genótipo, é um conjunto de fatores não genéticos. Ele é representado pelas condições edafoclimáticas associadas com práticas culturais, ocorrência de patógenos e outras variáveis que afetam o desenvolvimento da planta (BORÉM; MIRANDA, 2013). Podem ser previsíveis, quando estão relacionadas a fatores permanentes do ambiente como fertilidade, fotoperíodo, data de semeadura, densidade, e imprevisíveis, quando ocorrem aleatoriamente, como estande final, distribuições de chuvas, temperatura, ventos, umidade relativa do ar, ocorrência de pragas, plantas daninhas e doenças (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

A interação genótipos por ambientes é um fenômeno biológico (CHAVES, 2001) que dificulta a identificação de genótipos superiores, sendo, portanto necessárias extensivas avaliações da superioridade dos genótipos e suas respectivas produtividades e estabilidade, a fim de propor alternativas que minimizem a interação ou a aproveite em benefício do melhoramento, pelo lançamento de cultivares com maior especificidade (GARBUGLIO; FERREIRA, 2015).

A interação G x A é detectada quando uma série de ambientes é considerada, ou seja, avaliam-se os genótipos em vários ambientes que representam as características do local de recomendação. Essa etapa é fundamental para os programas de melhoramento (MAIA et al., 2014). Quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, maior será a importância da interação G x A (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017), sendo esse o principal complicador do trabalho do melhorista, exigindo que o melhoramento seja realizado nas condições em que o genótipo será utilizado.

O método mais comum para detecção da interação G x A é a análise de variância conjunta, a qual determina pelo do teste F a existência da interação. Interações G x A são respostas diferenciais e significantes dos genótipos entre os ambientes, elas ocorrem quando as contribuições dos genes regulando o caráter diferem entre ambientes. A contribuição dos genes para a expressão de um caráter, fatores fisiológicos e bioquímicos são considerados a base biológica das interações G x A (BASFORD; COOPER, 1998; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

A interação G x A impacta todas as fases do programa de melhoramento genético, pode-se citar o efeito negativo da interação na herdabilidade, pois quanto maior o componente da interação menor a estimativa de H^2 e, conseqüentemente, mais limitado o progresso da seleção. A decisão de lançamento de novas cultivares também é dificultada visto que a recomendação de cultivares adaptados à região com alta produção de grãos, proteína e óleo deve ser precedida por análises em diferentes ambientes, uma vez que o desempenho do genótipo, tratando-se de caracteres contínuos, resulta não só dos efeitos do genótipo, mas também dos efeitos de ambiente e da interação G x A (ALLARD; BRADSHAW, 1964; EBERHART; RUSSELL, 1966; NUNES, 1998; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Quando um mesmo conjunto gênico se expressa em diferentes ambientes, as diferenças nas respostas podem ser explicadas pela heterogeneidade das variâncias genéticas e experimentais ou por ambas, e quando diferentes conjuntos gênicos se

expressam em diferentes ambientes distintos, as diferenças nas respostas podem ser explicadas por uma inconsistência nas correlações genéticas entre os valores de um mesmo caráter em dois ambientes (FALCONER, 1989).

Não basta apenas detectar a presença da interação, é necessário considerar sua natureza (VENCOVSKY; BARRIGA 1992), que pode ser simples ou complexa. É simples quando proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), ou seja, a interação representa apenas mudanças na magnitude do desempenho genotípico, sem alteração da ordem dos genótipos ao longo dos ambientes, genótipos superiores em um ambiente mantêm a superioridade nos outros (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Esse tipo de interação não impõe dificuldades ao melhoramento, visto que cultivares superiores a um ambiente, também o são em outros (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Já a interação complexa ocorre quando denota falta de correlação entre medidas de um mesmo genótipo em ambientes distintos e indica haver inconsistência na superioridade de genótipos com a variação ambiental, ocorrendo mudança nas posições (*ranks*) dos genótipos de um ambiente para outro, ou seja, haverá genótipos com desempenho superior em um ambiente, mas não em outro. Esse tipo de interação causa dificuldades ao melhoramento, pois além de dificultar à recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade, traz a necessidade de realizar avaliações em um número maior de ambientes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

No entanto, a interação $G \times A$ não deve ser vista apenas como um problema, pois as avaliações dos genótipos em vários ambientes permitem aos melhoristas identificar cultivares com adaptação específica ou ampla, o que não seria possível com a avaliação em apenas um ambiente. Ela pode ser reduzida, utilizando-se cultivares específicas para cada ambiente, ou utilizando-se cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade, ou ainda estratificando-se a região considerada em sub-regiões com características ambientais semelhantes, dentro das quais a interação passa a ser não significativa (ALLARD; BRADSHAW, 1964; SOUZA, 1985; RAMALHO et al., 2012).

Estudos sobre a interação $G \times A$ são de grande importância, porém eles não conseguem detalhar o comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012). Portanto, análises biométricas de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se tornam possíveis a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas (ambientes favoráveis e desfavoráveis) ou amplas (CRUZ; CARNEIRO;

REGAZZI, 2014) são necessárias, visto que apenas analisar magnitude dos efeitos de interação não é suficiente para descrever o desempenho dos genótipos frente às alterações do ambiente (FINLAY; WILKINSON, 1963).

2.9. Análises de adaptabilidade e estabilidade

A interação G x A é um dos principais desafios ao melhoramento genético. Entre as alternativas para minimizá-la, recomenda-se o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Os termos adaptabilidade e estabilidade retomam o ano de 1930, em que homeostase foi considerada como propriedade inerente ao genótipo e que lhe capacita ajustar-se ao ambiente ou como processo auto regulatório que permite aos indivíduos a estabilização frente às flutuações de natureza interna e externa. A auto regulação nesse nível pode ser abordada como homeostase genética, a qual constitui a propriedade populacional de equilíbrio genético que resulta num certo grau de resistência às alterações ambientais (MAURO, 1991).

A adaptabilidade refere-se à capacidade do genótipo em apresentar alto rendimento em relação a um determinado ambiente ou determinadas condições para o qual está adaptado (GALLAIS, 1992). Para outros autores, a adaptabilidade é a capacidade dos genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo ambiental (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A adaptabilidade de determinado cultivar de soja depende principalmente de sua resposta ao fotoperíodo, resultando, a princípio, em uma faixa limitada de adaptação pela latitude.

A estabilidade é a capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em dados estímulos ambientais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014) sendo, portanto uma característica que deve ser analisada em mais de uma época de produção (MAURO, 1991), ou considerando o princípio da invariância, é a constância de comportamento nos diferentes ambientes estudados, ou ainda, é a capacidade dos genótipos em apresentar somente pequenas variações no seu comportamento geral quando submetidos a diferentes condições ambientais.

As análises de adaptabilidade e estabilidade permitem identificar genótipos de comportamento mais estável e que respondam previsivelmente às variações ambientais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Algumas dessas análises dividem os efeitos da interação G x A em efeitos de genótipos e de ambientes, revelando a contribuição relativa

de um para a interação total (ROCHA, 2002). Por isso, em programas de melhoramento, recomenda-se a utilização de métodos que permitam avaliar a capacidade genética de adaptação e desempenho de genótipos diante das variações ambientais.

Diversos métodos têm sido propostos para investigar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, sendo que a diferença entre eles origina-se nos próprios conceitos e procedimentos biométricos para medir a interação G x A (ROCHA, 2002). Destacam-se os procedimentos baseados na variância da interação G x A (PLAISTED; PETERSON, 1959; WRICKE; WEBER, 1986; SHUKLA, 1972; MAGARI; KANG, 1997), regressão linear simples (FINLAY, WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL; 1966; PERKINS; JINKS, 1968) e múltipla (VERMA et al., 1978; SILVA; BARRETO, 1986; CRUZ et al, 1989; STORCK; VENCOVSKY, 1994); modelos não lineares (CHAVES et al., 1989) e não paramétricos, como a ordem de classificação genotípica (HUHN, 1996); métodos multivariados, como a ACP (CROSSA, 1990), análise a agrupamento (HANSON, 1994), análise fatorial de correspondências (HILL, 1974) e análise de coordenadas principais (WESTCOTT, 1987) e métodos que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais (método multivariado), como é o caso da análise de AMMI, sugerido por Gauch e Zobel (1996).

Utilizar mais de um método para caracterizar os genótipos torna a seleção e indicação de cultivares mais eficiente. A escolha depende dos dados experimentais, ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), além disto, a facilidade de análise e interpretação deve ser levada em consideração (BORGES et al., 2000).

2.9.1. Método Wricke (1965)

A metodologia de Wricke (1965) identifica a cultivar de desempenho superior, considerando sua média geral, e aquela de comportamento mais previsível, em função das variações temporárias proporcionadas pelo ambiente. A estatística de estabilidade deste método é denominada de ecovalência (ω_i).

Nessa metodologia, o genótipo mais estável é aquele que menos contribui para a interação, isto é, apresenta baixos valores de (ω_i), o qual indica que elas possuem menores desvios em relação aos ambientes. É uma medida apropriada para expressar a imprevisibilidade do material genético avaliado.

A ecovalência é estimada decompondo-se a soma de quadrados da interação G x A nas partes devidas a genótipos isolados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), pelo seguinte estimador:

$$\omega_i = \sum (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2$$

Em que:

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j;

\bar{Y}_i : média do genótipo i;

\bar{Y}_j : média do ambiente j;

$\bar{Y}_{..}$: média geral.

O método da ecovalência proposto por Wricke (1965) foi utilizado, na cultura da soja, por diversos autores. Miranda (1999), Yokomizo (1999), Prado et al. (2001). De acordo com esses autores, o método mostrou-se bastante prático para avaliar a estabilidade fenotípica. Entretanto, os dois primeiros autores verificaram que a seleção foi mais eficiente quando combinou a ecovalência com o desempenho médio dos genótipos avaliados.

Silva et al. (2015) utilizou o método Wricke (1965) para avaliar 36 cultivares comerciais de soja em 6 ambientes, durante duas safras. Chaves et al. (2017) avaliou a adaptabilidade e estabilidade de 8 cultivares de soja em duas épocas de semeaduras, e identificou os genótipos UFUS 7415 e UFUS Impacta como os mais estáveis segundo a metodologia de Wricke (1965).

2.9.2. Método Eberhart e Russel (1966)

A metodologia de Eberhart e Russel (1966) é um método paramétrico, baseia-se na análise de regressão linear simples, que mede a resposta de cada genótipo frente às variações ambientais. Para cada genótipo, em cada ambiente, é computada uma regressão linear simples da variável resposta (ex: produção de grãos ou frutos), em relação a um índice ambiental, obtido pela diferença entre a média de cada ambiente e a média geral. Os parâmetros que expressam a adaptabilidade e a estabilidade são a média, a resposta linear à variação ambiental e o desvio da regressão para cada genótipo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

O conceito de adaptabilidade refere-se à capacidade de os genótipos responderem ao estímulo do ambiente e são classificados como: genótipos com adaptabilidade ampla ou geral, $\beta_{ii} = 1$; genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, $\beta_{ii} > 1$; genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, $\beta_{ii} < 1$. O conceito de estabilidade relaciona-se à capacidade de os genótipos mostrarem uma resposta previsível em função do estímulo do ambiente.

Os estimadores dos parâmetros de adaptabilidade e de estabilidade são dados respectivamente por:

$$\widehat{\beta} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$$

$$\widehat{\sigma}_{di}^2 = \frac{QMD_i - QMR}{r}$$

Em que:

QMD_i: é o quadrado médio dos desvios do genótipo i;

QMR: é o quadrado médio do resíduo;

r: é o número de repetições.

A avaliação da hipótese Ho: $\beta_{ii} = 1$ é realizado por meio do teste t, cuja estatística é dada por $t = \frac{\widehat{\beta}_{ii} - 1}{\sqrt{\widehat{v}(\widehat{\beta}_{ii})}}$ e da hipótese Ho: $\widehat{\sigma}_{di}^2 = 0$ é realizada por meio do teste F.

De outra forma, o coeficiente de determinação (R^2) também pode ser usado para estudo da estabilidade dos genótipos: genótipos com R^2 menor que 70% são classificados com estabilidade baixa e acima de 70% são como de alta estabilidade. É possível estimar da seguinte forma:

$$R^2 = \frac{SQ_{Reg}}{SQ_{Total}}$$

Com a avaliação das hipóteses de interesse classifica - se os genótipos em uma das seis classes abaixo:

Tabela 1: Classificação dos genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade pelo método de Eberhart e Russel (1966).

Classes	Classificação	Valores paramétricos
1	Adaptabilidade geral e estabilidade baixa	$\beta_{ti} = 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 > 0$
2	Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e estabilidade baixa	$\beta_{ti} > 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 > 0$
3	Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e estabilidade baixa	$\beta_{ti} < 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 > 0$
4	Adaptabilidade geral e estabilidade alta	$\beta_{ti} = 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$
5	Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e estabilidade alta	$\beta_{ti} > 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$
6	Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e estabilidade alta	$\beta_{ti} < 1$ e $\hat{\sigma}_{di}^2 = 0$

O método proposto por Eberhart e Russel (1966) é o mais utilizado (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; SILVA; DUARTE, 2006). Embora os métodos baseados na regressão linear sejam muito utilizados, os mesmos apresentam algumas limitações, entre as quais se destaca o uso da média de todas as cultivares em cada condição como medida do índice ambiental. Isto faz com que não haja independência entre o rendimento e o índice ambiental, e a consequência direta é a não validade dos testes de hipóteses (SHUKLA, 1972). Essa limitação pode ser contornada avaliando-se um número grande de cultivares e ambientes (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Batista et al. (2015) avaliou a adaptabilidade e estabilidade de 14 linhagens de soja pelo método de Eberhart e Russel (1966) quanto a produtividade, quantidade de óleo e proteína, em 4 ambientes.

Oliveira et al. (2015) ao estudar 9 genótipos de soja em sete ambientes durante vários ciclos, identificaram L01V13 e UFUS Guarani como sendo de ampla adaptabilidade, resultado esse que esteve em consonância com Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).

2.9.3. Método Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

No método proposto por Lin e Bins (1988), análise não paramétrica, a medida para estimar a adaptabilidade e a estabilidade é dada pelo quadrado médio da distância entre a média do genótipo e a resposta média máxima obtida no ambiente. Essa medida de superioridade é denominada de P_i , ela considera o rendimento *per se* do genótipo, relativa a um genótipo com coeficiente de regressão igual a unidade, que é uma medida de adaptabilidade, e a sua flutuação que é uma medida de estabilidade fenotípica.

Carneiro (1988) apresentou algumas modificações nesse método a fim de torna-lo mais adequado à avaliação do desempenho genotípico e recomendação de cultivares. A primeira modificação realizada foi a decomposição de P_i em relação a reta bissegmentada nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis, que refletem ambientes em que há emprego de alta e baixa tecnologia, respectivamente.

O novo parâmetro foi denominado de MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento), o qual torna o método mais adequado aos propósitos da recomendação de cultivares, pois fornece um direcionamento da resposta aos diferentes tipos de ambiente (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Tais modificações trouxeram vantagens ao método, como maior facilidade na interpretação, além de discriminar melhor os genótipos quanto ao desempenho, tanto em ambientes favoráveis quanto em desfavoráveis (BARROS et al., 2010; BACKES et al., 2005; NASCIMENTO FILHO et al., 2009). Além disso, contempla o genótipo desejado, já que classifica o genótipo de média alta e constante em ambientes desfavoráveis e com capacidade de resposta à melhoria da condição ambiental, tendo sido eleita por muitos autores à metodologia que melhor classificou e discriminou o conjunto de genótipos (MURAKAMI; CRUZ, 2004; ALBRECHT et al. 2007; CARGNIN et al., 2008).

A estimativa P_i é dada por:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

Em que:

P_i : é a estimativa do parâmetro de estabilidade do i -ésimo genótipo;

Y_{ij} : é a produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;

M_j : é a resposta máxima observada entre todos os genótipos no j -ésimo ambiente;

a : é o número de ambientes.

A classificação dos ambientes foi feita com base nos índices ambientais (I_j), propostos por Eberhart e Russel (1966), definidos como a diferença entre a média dos genótipos avaliados em cada ambiente e a média geral dada. Valores negativos de I_j identificam os ambientes desfavoráveis e valores positivos identificam ambientes favoráveis.

Esse método apresenta como principais vantagens em relação à estatística paramétrica a redução da tendenciosidade causada por pontos acentuadamente fora da equação de regressão ajustada, a não obrigatoriedade de assumir hipóteses sobre a distribuição dos valores fenotípicos, a facilidade de uso e interpretação dos parâmetros de estabilidade com base nas classificações e o fato de que a inclusão ou retirada de um ou poucos cultivares não causam grandes variações nas estimativas e permite as classificações dos genótipos para seleção, no processo de melhoramento.

Oliveira et al. (2015) ao estudarem 9 genótipos de soja em sete ambientes durante vários ciclos, identificaram UFUS Guarani e as linhagens L01V13 e L05V13 como sendo de alta produtividade e estabilidade.

Marques et al. (2011) identificaram a cultivar UFUS Xavante como sendo de alta estabilidade, ao utilizaram o método Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1988).

2.9.4. Método AMMI

A análise AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) foi proposta inicialmente por Mandel (1971). Ela é uma combinação de métodos univariados (análise de variância) com métodos multivariados (análise dos componentes principais e decomposição de valores singulares), e permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação e, conseqüentemente traz vantagens no entendimento desse efeito, quando comparada com outros métodos tradicionais.

Analisar os componentes principais consiste em transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão denominadas de componentes principais, com o objetivo de reduzir a quantidade de dados, com menor perda possível da informação (VARELA, 2008). Os componentes principais apresentam propriedades importantes como: cada componente é uma combinação linear de todas as variáveis originais, são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em

ordem de estimação, o máximo de informação, em termos de variação total contida nos dados (VARELA, 2008).

Quando se avalia vários caracteres no campo, como altura da planta, produtividade de grãos, percentagem de óleo, ciclo, etc., utiliza-se técnicas de componentes principais, com vistas a encontrar combinações lineares dessas variáveis que melhor descrevam a variabilidade dos genótipos (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O número de componentes principais com os quais se pretende reduzir a dimensão dos dados e fornecer uma descrição mais parcimoniosa da interação $G \times A$, é o menor possível (LAVORANTI et al., 2004). Para determinar o número de eixos a serem retidos, para explicar o padrão relacionado à interação, determinam-se os graus de liberdade associados à parcela da soma de quadrados devido à interação $G \times A$ relacionada a cada membro da família AMMI. Obtém-se o quadrado médio correspondente a cada parcela, posteriormente obtém-se um teste F, avaliando-se a significância de cada componente em relação ao quadrado médio do erro (LAVORANTI et al., 2004). Isto resulta em um quadro de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramento para a fonte de variação $G \times A$ é estimado o efeito da interação para cada genótipo em cada ambiente (ga_{ij}). (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Na sequência, a interação é desdobrada por meio das técnicas dos componentes principais, objetivando captar por meio de alguns poucos componentes (até três) grande parte do padrão de variação, causada pela interação $G \times A$ facilitando a visualização e interpretação dos resultados (RAMALHO et al., 2012). Sabe-se que nos primeiros eixos há maior captação da porcentagem padrão, com diminuição nos eixos subsequentes, e que à medida que se eleva o número de eixos selecionados, aumenta-se a porcentagem de “ruído”, reduzindo o poder de predição da análise (OLIVEIRA; DUARTE; PINHEIRO, 2003). Essa análise objetiva selecionar modelos que expliquem o padrão relacionado com a interação, eliminando os ruídos presentes nos dados e sem interesse agrônômico (LAVORANTI et al., 2004).

Ocorre a combinação em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais, ou seja, genótipos (g_i) e ambientes (a_j) e, multiplicativos para os efeitos da interação, (ga_{ij}) (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013; ZOBEL; WRIGHT, GAUCH, 1988). O número de componentes principais varia de 1 a q , sendo $q = \text{mínimo}(g-1; a-1)$, dessa forma, a resposta média de um genótipo i em um ambiente j é dada por:

$$\bar{Y}_{ij} = \underbrace{\mu + g_i + a_j}_{\text{Parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{c=1}^q \sqrt{\lambda_c} \alpha_{ic} \gamma_{jc}}_{\text{Parte multiplicativa}} + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : média observada para a variável resposta, do genótipo i no ambiente j ;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i , $i=1,2,3,\dots,g$;

a_j : efeito do ambiente j , $j=1,2,3,\dots,a$;

λ_c : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado à interação $G \times A$;

α_{ic} : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado ao genótipo i ;

γ_{jc} : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado ao ambiente j ;

δ_{ij} : resíduo ou ruído não explicado pelos componentes principais;

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

Sobre o modelo AMMI selecionado pelo eixo da interação da análise de componentes principais, determinam-se os escores dos níveis de cada fator pela decomposição de valores singulares (RAMALHO et al., 2012). Com a obtenção desses escores é possível explorar o efeito positivo da interação, em que deve ser observado o produto entre os escores, os quais fornecem as estimativas dos efeitos da interação.

Os efeitos positivos desses produtos indicam situações favoráveis, ou seja, as maiores estimativas às respostas dos caracteres estudados. Essas relações também podem ser vistas pelos biplot's AMMI, por meio dos sinais dos escores para cada par de níveis dos fatores cruzados. Deste modo, os escores de sinais opostos indicam certo antagonismo com uma combinação desfavorável (LAVORANTI et al., 2004). Esse tipo de informação permite aos pesquisadores selecionar ambientes e/ou genótipos mais estáveis, conforme seus interesses (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

O termo biplot refere-se apenas a um tipo de gráfico contendo duas categorias de pontos e marcadores. No estudo da adaptabilidade e estabilidade, uma delas refere-se aos genótipos e a outra aos ambientes, além disso, o nome biplot não está relacionado a duas dimensões, em que a maioria dos gráficos são elaborados, mas os dois tipos de marcadores

(DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Genótipos que são mais semelhantes entre si ficam mais próximos na dispersão gráfica. O mesmo acontece para os ambientes. Genótipos e/ou ambientes que são similares tendem a se agrupar (MALOSETTI; RIBAUT; EEUWIJK, 2013).

Essa análise pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta e largamente adaptados, como na realização do zoneamento agrônomico, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste. Além disto, permite uma análise mais detalhada da interação, garante a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

Sousa et al. (2015) utilizaram o método AMMI para avaliarem 27 genótipos de soja precoce em 5 locais de Minas Gerais, e identificaram o genótipo G5 como sendo de alta adaptabilidade e estabilidade, resultado esse que esteve em consonância com os obtidos pelo método GGE biplot.

2.9.5. Método Centroides

O método Centroides (ROCHA et al., 2005), método não paramétrico, baseado em componentes principais, consiste na dispersão dos genótipos e ambientes em um plano com poucos eixos e permite a comparação de valores de distância cartesiana entre os genótipos e quatro genótipos referência, chamados de ideótipos, os quais são obtidos com base nos dados experimentais. Esses ideótipos objetivam caracterizar genótipos de máxima adaptabilidade geral e específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis, como também os de adaptabilidade mínima.

Esse método facilita a recomendação de cultivares, pois permite o direcionamento de genótipos em relação à variação ambiental, dispensa a análise de vários parâmetros, como a que ocorre nos métodos baseados em regressão. Os ideótipos são caracterizados conforme Tabela 2:

Tabela 2: Caracterização dos ideótipos quanto à adaptabilidade pelo método do Centróde (ROCHA et al., 2005).

Ideótipos	Descrição
1	Máxima adaptabilidade geral - cujos valores em cada ambiente são representados pelos máximos obtidos a partir do conjunto de genótipos estudado;
2	Máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis- cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos máximos e, nos desfavoráveis, pelos mínimos obtidos no conjunto de genótipos estudados;
3	Máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis- cujos valores nos ambientes favoráveis são representados pelos mínimos e, nos desfavoráveis, pelos máximos obtidos conjunto de genótipos estudados;
4	Mínima adaptabilidade- cujos valores em cada ambiente, são representados pelos mínimos obtidos no conjunto de genótipos estudados;

O conceito de adaptabilidade e estabilidade nessa metodologia difere das demais existentes na literatura. Os genótipos de máxima e média adaptação específica não são aqueles que apresentam bom desempenho nos grupos de ambientes favoráveis ou desfavoráveis, mas sim os genótipos que apresentam valores máximos ou médios para determinado grupo de ambientes (favoráveis e desfavoráveis) e mínimos para outro conjunto.

Para a utilização desse método, os ambientes são classificados em favoráveis e desfavoráveis utilizando o índice ambiental proposto por Finlay e Wilkinson (1963):

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y$$

Em que:

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ;

Y : total das observações;

a : número de ambientes;

g : número de genótipos.

Depois de classificados os ambientes e de gerados os pontos referenciais, utiliza-se a análise de componentes principais de onde se obtém os escores que são utilizados para dispersão gráfica dos genótipos no plano. Essa análise dos componentes principais é uma técnica multivariada e constitui-se de um agrupamento linear de variáveis com o propósito de reter o máximo de variabilidade nos primeiros eixos (ROCHA et al., 2005; NASCIMENTO et al., 2009; RAMALHO et al., 2012).

Através da distância cartesiana média de cada genótipo aos ideótipos de referência, se calcula a probabilidade daquele genótipo se assemelhar a cada ideótipo, através do seguinte estimador:

$$P_{ik} = \left(\frac{1}{d_{ik}} \right) \div \sum_{k=1}^7 \frac{1}{d_{ik}}$$

Em que:

P_{ik} : probabilidade do genótipo i ter padrão de estabilidade que se assemelhe ao ideótipo

K;

d_{ik} : distância do genótipo i ao ideótipo k gerado no plano cartesiano.

Barros et al. (2012) utilizaram o método Centroide para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 29 genótipos de soja em seis ambientes, no estudo, eles obtiveram 67% da variação total explicada pelos dois primeiros componentes. Oliveira et al. (2012) obtiveram 44% dos 16 genótipos de soja avaliados, classificados quanto ao ideótipo I de máxima adaptabilidade geral.

3. REFERÊNCIAS

- ABREU, F. B. et al. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 22, n. 3 p. 547-552, 2004.
- ABUD, S. et al. Dispersão de pólen em soja transgênica na região do Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, p. 1229-1235, 2003.
- AKINSANMI, O. A; LADIPO, J. L.; OYEKAN P. O. First report of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Nigeria. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 85, n. 1, p. 97 200.
- ALCÂNTARA NETO, F. et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALCÂNTARA NETO, F. **Marcadores microssatélites na identificação de cultivares de soja**. 2001. 46 f. Tese (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001
- ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro: Edgar Blücher, 1974.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 503-8, 1964.
- ALMEIDA, A. M. R.; et al. Doenças da soja (*Glycine max*). In: KIMATI, H. et al. (Ed). **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Editora Agronômica: Ceres, 2005. p. 569-588.
- ALVES, S. A. M.; FURTADO, G. Q.; BERGAMIN FILHO, A. Influência das condições climáticas sobre a ferrugem da soja. In: ZAMBOLIM, L. (Ed.). **Ferrugem Asiática da Soja**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitopatologia, 2006. p. 37-59.
- ALZATE-MARIN, A. L. et al. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, 2005.
- APROSOJA BRASIL. **Uso da soja**. [S.l.: s.n.] 2016. Disponível em: <<http://aprosojabrasil.com.br/2014/sobre-a-soia/uso-da-soia/>>. Acesso em: 18 dez. 2017.
- ARIAS, C. A. A. et al. Asian rust in Brazil: varietal resistance. In: KUDO et al. (Ed.). **Facing the challenge of soybean rust in South America**. Tsukuba: JIRCAS; Londrina: Embrapa Soybean, p. 29-30. (JIRCAS Working Report, 58). 2008.
- ARIAS, C. A. A. et al. Inheritance of resistance of soybean to rust (*Phakopsora pachyrhizi* Sidow). In: World soybean research conference, 7.; international soybean processing and utilization conference, 4.; congresso brasileiro de soja, 3., 2004, Foz do Iguassu. **Abstracts of contributed papers and posters**. Londrina: Embrapa soybean, 2004. p. 100.

- ARRIEL, N. H. C. et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 5, p. 801-809, 2006.
- AZEVEDO, V. H. **Herança da resistência da soja ao *Diaporthe phaseolorum f.sp. meridionalis* e eficiência na seleção de caracteres agronômicos**. 2000. 102 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- BACKES, R. L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro no Estado de Santa Catarina. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 27, n. 2, p. 309-314, 2005.
- BACKES, R. L. et al. Correlation estimates and assessment of selection strategies in five soybean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 3, p. 107-116, 2003.
- BALDISSERA, J. N. da C. et al. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BANDYOPADHYAY, R. et al. First Report of Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* in Ghana. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, n. 8, p. 1057-1057, 2007.
- BARBOSA, E. G. G. et al. Overexpression of the BA- Dependent DREB 1 Transcription Factor from *Arabidopsis thaliana* improves Soybean Tolerance to Water Deficit. **Plant Molecular Biology Reporter**, New York, v. 31, n. 3, p. 710-730, 2012.
- BARROS, H. B. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Gurupi, v.3, n. 2, p. 49-58, 2012.
- BARROS, H. B. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados no estado do Mato Grosso. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 3, p. 359-366, 2010.
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T. Luz, umidade e temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009, p. 17- 27.
- BASFORD, K. E.; COOPER, M. Genotype x environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 49, n. 2, p. 153-174, 1998.
- BATISTA, R. O. et al. Adaptability and stability of soybean genotypes in off-season cultivation. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 9634-9645.
- BERGAMIN FILHO, A. Epidemiologia comparativa: ferrugem da soja e outras doenças. In: Zambolin, L. (Org.). **Ferrugem asiática da soja**. Visconde do Rio Branco: Suprema Gráfica e Editora, p. 15-35, 2006.
- BERNARD, R. L. The inheritance of apressed pubescence. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 2, p. 34-36, 1975.

- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I.; OLIVEIRA, A. C. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, Seoul, v. 10, n. 4, p. 211-222, 2007.
- BONATO, A. L. V. et al. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 29, p. 692-704. 2006.
- BONDE, M. R. et al. Effects of temperature on urediniospore germination germ tube growth, and initiation of infection in soybean by *Phakopsora* isolates. **Phytopathology**, St. Paul, v. 97, n. 8, p. 997-1003, 2007.
- BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.
- BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIHIL, R. A. S. **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2009. 625 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017. v. 1. 543 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Interação genótipo x ambiente. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, p. 131-144, 2013.
- BORGES, L.C. et al. Emprego de metodologias de avaliação da estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, p. 89-102, 2000.
- BROICH, S. L.; PALMER, R. G. A cluster analysis of wild and domesticated soybean phenotypes, **Euphytica**, Ames, v. 29, p. 23-32, 1980.
- BROMFIELD, K. R. World soybean rust situation. In: Hill, L. D. (Ed.). **World Soybean Research: proceedings of the world soybean research conference**. Danville: The Interstate Printers and Publishers, 1976, p. 491-500.
- BROMFIELD, K. R.; HARTWIG, E. E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 20, p. 254-255, 1980.
- CÂMARA, G. M. S. Ecofisiologia da soja e rendimento. In: CÂMARA, G.M.S. (Ed.) **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba, 1998, p. 256-277.
- CÁRCAMO-RODRÍGUEZ, A.; AGUILAR-RÍOS, J.; HERNÁNDEZ, J. R. First report of asian soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* from Mexico. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 9, p. 1260-1260, 2006.
- CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise da estabilidade e adaptabilidade de comportamento**. 1998. 168f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.

- CARVALHO JR., A. A.; FIGUEIREDO, M. B. A verdadeira identidade da ferrugem da soja no Brasil. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 26, n. 2, p. 197-200, 2000.
- CASAROLI, D. et al. Radiação Solar e Aspectos Fisiológicos na Cultura de Soja - uma revisão, **Revista da FVZA**, Uruguaiana, v.14, p.102-120, 2007.
- CASTRO, L. S.; MIRANDA, M. H.; LIMA, J. E. Indicadores sociais de desenvolvimento e a produção de soja: uma análise multivariada nos 150 maiores municípios produtores brasileiros. **Revista Brasileira de Gestão e Desenvolvimento Regional**, Taubaté, v. 11, n. 1, p. 69-87, 2015.
- CHAVES, L. J. Interação de cultivares com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**, Rondonópolis: Fundação MT, p. 673-713, 2001.
- CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; GERALDI, I. O. Modelo não linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 2, p. 259-269, 1989.
- CHAVES, M. V. A. et al. Genotype x environment interaction and stability of soybean cultivars for vegetative stage characters. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n.3, p.1-10, 2017.
- CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos - safra 2016/17 – décimo segundo levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 4, n. 4, p. 1-158, 2017.
- CONSÓRCIO ANTIFERRUGEM. Conheça a ferrugem: Tabela de custo. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/soja/ferrugem/consorcioantiferrugem> > Acesso em: 20 de nov, 2017.
- CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária. 2014. v. 2, 668p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-80, 1989.
- CUI, Z. et al. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 1954-1967, 2001.
- DALL'AGNOL, A.; **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

DAROISH, M.; HASSAN, Z.; AHAD, M. Influence os Planting Dates and Plant Densities on Photosynthesis Capacity, Grain and Biological Yeld of Soybean [*Glycine max* (L.) Merril.] in Karaj, Iran. **Journal of Agronomy**, Tehran, Iran, v. 4, n. 3, p. 230-237, 2005.

DEL PONTE, E. M. et al. Predicting severity of asian soybean rust epidemics with empirical rainfall models. **Phytopathology**, St. Paul, v. 96, n. 7, p. 797-803, 2006.

DESLANDES, J. A. Ferrugem da soja e de outras leguminosas causada por *Phakopsora pachyrizi* no Estado de Minas Gerais. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 4, p. 337-339, 1979.

DESTRO, D. et al. Estimativas de herdabilidade de alguns caracteres, em dois cruzamentos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 291-304, 1987.

DESTRO, D.; PIPOLO, V. C.; KIIHL, R. F. Photoperiodic and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.1, n.1, p. 72-92, 2001.

DESTRO, D.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. L. L. **Genes qualitativos em soja: alguns comentários e listagem**. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, (Cadernos Didáticos, 293), 1990. 67p.

DOEBLEY, J. F.; GAUT, B. S.; SMITH, B. D. The molecular genetics of crop domestication, **Cell**, Cambridge, v. 127, p. 1309-1321, 2006.

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

DURRANT, W. E.; DONG, X. Systemic acquired resistance. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 42, p. 185-209, 2004.

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

EDWARDS, H. H.; BONDE, M. R. Penetration and establishment of *Phakopsora pachyrhizi* in soybean leaves as observed by transmission electron microscopy. **Phytopathology**, Saint Paul v. 101, p. 894-900, 2011.

EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Tecnologias de Produção de Soja: Paraná 2007**. Londrina: Embrapa Soja, p. 197-202, 2006.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja - região central do Brasil 2012 e 2013**. Embrapa Soja, Londrina, 2011.

EMBRAPA SOJA. **Tecnologia de produção de soja: região central do Brasil 2012 e 2013**. Londrina: EMBRAPA Soja, 2011. 261 p.

EMBRAPA. **Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013.

- EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja: região central do Brasil 2008.** Londrina, PR: Embrapa Soja, Embrapa Cerrados, Embrapa Agropecuária Oeste, 2008, 280 p.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics.** London: Oliver and Boyd, 1989, 365p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics.** 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development - theory and technique.** (2. ed.). New York: Macmillan Publishing Co., 1987. 536p.
- FIALLOS, F. R. G; A FERRUGEM ASIÁTICA DA SOJA CAUSADA POR *Phakopsora pachyrhizi* Sydow e Sydow. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 4, n. 2, p. 45-60, 2011.
- FINLAY, K, W; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plantbreeding programe. **Australian Journal of Agricultural Research**, Australia, v. 14, n. 5, p. 742-754, 1963.
- FLOR, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 9, p. 275-296. 1971.
- GALLAIS, A. Adaptation et adaptabilité en amelioration des plantes. **Le Selectionneur Français**, v. 42, p. 55-57, 1992.
- GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, D. F. FGGE method: description and application in data from maize cultivars. **Euphytica**, Netherlands v. 204, p. 723-737, 2015.
- GARCÉS, F. R. **Efeito de programas de aplicação de fungicidas no progresso da ferrugem, no seu controle e na área foliar da soja.** 2010. 100f. Dissertação (Mestrado). Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo.
- GARCÉS, F. R. et al. Severidade de *Phakopsora pachyrhizi* en el cultivo de soya en condiciones de invernadero. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 35 (Suplemento): S169 (Resumo), 2010b.
- GARCÉS, F. R. et al. Umbral numérico de infección de *Phakopsora pachyrhizi* en el cultivo de soya. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v.35 (Suplemento): S168 (Resumo), 2010a.
- GARCIA, A. et al. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: Discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 117, p. 545-553, 2008.
- GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yeild trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. **Genotype by-environment interaction.** New York: CRC Press, 1996. 416p.
- GLASENAPP, J.S.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E. Estresse abiótico. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja.** 1ed. Londrina: Mecenas, v. 1, p. 103-126, 2015.

- GODOY, C. V.; et al. **Eficiência de fungicidas para controle da ferrugem asiática da soja, *Phakopsora pachyrhizi*, na safra 2008/09**: resultados sumarizados dos ensaios cooperativos. Londrina: Embrapa Soja, (Embrapa Soja. Circular Técnica, 69). 12 p. 2009.
- GOELLNER, K. et al. *Phakopsora pachyrhizi*, the causal agent of Asian soybean rust. **Molecular Plant Pathology**, England, v.11, n.2, p.169-177, 2010.
- GRIGOLLI, J. F. J. **Manejo de Doenças na Cultura da Soja**. Disponível em: <http://www.fundacaoms.org.br/base/www/fundacaoms.org.br/media/attachments/193/193/56c303562415749b3e1f4e1f7f16ca14335cd7e7d9268_08-manejo-de-doencas-na-cultura-da-soja.pdf>. Acesso em: 5 de dez. 2017.
- HADLEY, H. H.; HYMOWITZ, T. Specification an Cytogenetics. In: CALDEWELL, B. E. et al. **Soybeans: Improvement, Production and Uses**. Madison: Amercian Society of Agronomy, p. 97-116, 1973.
- HAMAWAKI, O. T. et al. Yield and agronomic characteristic of soybean breeding lines in Minas Gerais. **Comunicata Scientiae** (Print), v. 1, p. 43-47, 2010.
- HAMMOND-KOSACK, K. E.; JONES, J. D. G. Resistance gene- dependent plant defense responses. **Plant Cell**, Rockyville, v.8, p.1773-1791, 1996.
- HANSON, W. D. Distance statistics and interpreation of Southern states regional soybean tests. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 6, p. 1498-1504. 1994.
- HARTMAN, G. K. L; WANG, T. C.; TSCHANZ, A. T. Soybean rust development and the quantitative relationship between rust severity and soybean yield. **Plant Disease**, New York, v. 75, p. 596-600, 1991.
- HARTMAN, G. L.; SIKORA, E. J.; RUPE, J. C. Rust. In: HARTMAN, G. L. et al. (Ed.). **Compendium of soybean diseases and pests**. Saint Paul: APS Press, 2015.
- HARTMAN, G. L.; SINCLAIR, J. B.; RUPE, J. C. Compendium of Soybean diseases. **APS- The American Phytophatological Society**. 4 ed, St Paul, Minnesota, 1999, USA. 100p.
- HARTWIG, E. E. Identification of a fourth major gene conferring resistance to soybean rust. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 1135-1136, 1986.
- HARTWIG, E. E.; BROMFIELD, K. R. Relationships among three genes conferring specific resistance to rust in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 237-239, 1983.
- HENNING, A. A. et al. **Manual de identificação de doenças de soja**. Embrapa Soja, (Embrapa Soja. Documentos, 256), 2014.
- HENNING, A. A. **Manejo de doenças da soja** (*Glycine max* L. Merrill). Informativo ABRATES, Londrina, v. 19, n. 3, p. 9-12, 2009.
- HENNING, A. A.; GODOY C. V. Situação da ferrugem da soja no Brasil e no mundo. Em: Zambolim, L. (Org.). **Ferrugem Asiática da Soja**. Suprema Gráfica e Editora, Visconde do Rio Branco. p. 1-14, 2006

- HENNING, A.A. et al. **Manual de identificação de doenças de soja**. 4ed. Londrina: Embrapa Soja, 74p. 2010.
- HILL, M. O. Correspondence analysis: a neglected multivariate method. **Applied statistics**, London, v. 23, n. 2, p. 340- 354. 1974.
- HSU, C. M.; WU, L. C. Study on soybean rust. **Scientia Agricola**, China, v.16, p.186-188, 1968.
- HUHN, M. Nonparametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. In: KANG, M. S. GAUCH, H. G. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton, Press, p. 235-270, 1996.
- HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, **Crop Science Society of America and Soil Science Society of America**, p. 97-136, 2004,
- JULIATTI, F. C.; POLIZEL, C. A.; JULIATTI, C. Fa. **Manejo integrado de doenças na cultura da soja**, Uberlândia: EDUFU, 327 p. 2004.
- KAWUKI, R. S.; ADIPALA, E.; TUKAMUHABWA, P. Yield loss associated with soya bean rust (*Phakopsora pachyrhizi* Syd.) in Uganda, **Journal of Phytopathology**, Germany, v. 151, p. 7-12, 2003.
- KILLGORE, E., HEU, R. First report of soybean rust in Hawaii. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 78, p. 1216. 1994.
- KNITTLE, K. H.; BURRIS, J. S. Soybean hypocotyls growth under field conditions. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 1, p. 37-41, 1979.
- KOCH, E.; EBRAHIN-NESBAT, F.; HOPPE, H. H. Light and electron microscopic studies on the development of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi* Syd.) in susceptible soybean leaves. **Journal of Phytopathology**, Germany, v. 106, p. 302-320, 1983.
- KOLLIPARA, K. O.; SINGH R. J.; HYNOWITZ, T. Phylogenetic and genomic relationships in the genus *Glycine* Willd based on sequences from the ITS region of nuclear rDNA, **Genome**, Canadá, v. 40, p. 57-68, 1997.
- LANTMANN, A. **A água no desenvolvimento da soja**. 2014. Disponível em: <<http://www.projetosojabrasil.com.br/artigo-agua-desenvolvimento-da-soja/>> Acesso: 5 de dez. 2017.
- LAVORANTI, O. J. et al. Modelagem AMMI para estudos de interação em modelos estatísticos de efeitos fixos. **Comunicado técnico**, n. 124. Embrapa Floresta: Colombo. 7p. 2004.
- LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Revista Nativa**, Mato Grosso, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.
- LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015, 363p.

- LI, S. et al. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI567102B. **Theoretical and Applied Genetics**, Germany, v. 125, p. 133-142. 2012.
- LI, X. et al. The uniqueness of the soybean rust pathosystem: an improved understanding of the risk in different regions of the world. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 94, p. 796-806, 2010.
- LIMA, W. F. et al. Resistência da soja à ferrugem asiática avaliada pela análise da produtividade de grãos. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2012.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Canadá, v. 68, p. 193-198, 1988.
- LYNCH, T. N. et al. First report of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* on *Phaseolus* species in the United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 90, n. 7, p. 970, 2006.
- MACHADO, L. O. **Fatores de Formação do Preço da Soja em Goiás**. Disponível em: <<http://www.imb.go.gov.br/pub/conj/conj15/artigo05.pdf>> Acesso: 5 set.2017.
- MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS Stable: stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 89, n. 5, p. 929-932. 1997.
- MAIA, C. C. et al. Interação genótipo-ambiente em soja via análise de componentes principais com múltiplas matrizes de dados. **Revista Agroambiente On-line**, v. 8, n. 1, p.104-111, janeiro - abril, 2014.
- MALOSETTI, M.; RIBAUT, J. M.; EEUWIJK, F. A. V. The statistic analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction an its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, Lausanne, v.4, n.1, p. 1-17, 2013.
- MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, United States, v. 13, n. 1, p. 1-18, 1971.
- MARCOLINO-GOMES, J. et al. Expression pattern of drought stress marker genes in soybean roots under two water deficit systems. **Plos One**, San Francisco, v. 8, n. 5, p. 212-221, 2013.
- MARTIGNONE, R. A. et al. Efecto de la fecha de siembra sobre el comportamiento fenológico y agronómico en cultivares de soja de diferentes grupos de maduración. In: CONGRESSO DE SOJA DO MERCOSUR, 2006, Rosário. **Libro de Mesas Científico - Técnicas Resúmenes Expandidos**, Rosário: ACSOJA., p. 47-50, 2006
- MATSUO, E. et al. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.
- MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. UFV, Viçosa, p. 27-53. 2015.
- MAURO, A. O. **Adaptabilidade, estabilidade e ganho genético com o processo seletivo em soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em Ponta Porã, Mato Grosso do Sul**. 1991. 1192f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1991.

- MAWUENA, G. Preliminary observations on soybean rust incidence in Togo. **Soybean Rust Newsletter**, v. 5, p. 20–21, 1982.
- MCLEAN, R. J.; BYTH, D. E. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybeans. **Australian Journal of Agricultural Research**, Canberra, v. 31, p. 951-956, 1980.
- MELCHING, J. S. et al. Effects of duration, frequency, and temperature of leaf wetness periods on soybean rust. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 73, p. 117-122, 1989.
- MEOTTI, G. V. et al. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, p. 14-21, 2012.
- MILADINOVIC, J. et al. **Soybean breeding: Comparison of the efficiency of different selection methods**. Disponível:
<https://www.researchgate.net/publication/265415202_Soybean_breeding_Comparison_of_the_efficiency_of_different_selection_methods>. Acesso: 3 jul. 2017.
- MILES, M. R.; FREDERICK, R. D.; HARTMAN G. L. 2006. **Evaluation of soybean germplasm for resistance to Phakopsora pachyrhizi**. Plant Management Network, 2006. (em linha). Consulting 12 July 2009. Publication in: <http://www.plantmanagementnetwork.org/pub/php/research/2006/germplasm/>.
- MIRANDA, F. T. S. **Interação genótipos x ambientes em linhagens de soja selecionadas para resistência ao nematoide de cisto**. 1999. 141f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.
- MIRANDA, Z. F. S. et al. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-396, 2007.
- MIRANDA, Z. F. S.; **Base Genética de cultivares de soja no Brasil**. 2005. 871f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2005.
- MULATO, B. M. et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.
- MÜLLER, L. Taxonomia e Morfologia, In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (ed) **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL., p. 65-108, 1981, 1062p.
- MUNIZ, F. R. S. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. **Revista Bras. de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 6, n. 3, p. 615-622, 2002.
- MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, p. 7-11, 2004.
- NASCIMENTO FILHO, F. J. et al. Adaptabilidade e estabilidade de clones de guaraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 9, p. 1139-1144, 2009.

NASCIMENTO, J. M. et al. Associação de adjuvantes à picoxistrobina + ciproconazol no controle da ferrugem asiática da soja. **Summa phytopathologica**, Botucatu, v. 38, n. 3, p. 204-210, 2012.

NASCIMENTO, M. et al. Alteração no método centroide de avaliação da adaptabilidade genotípica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 3, p. 263-269, 2009.

NAVARRO, J. C. et al. **First report f Asian soybean rust in Bolivia**. World Soybean Research Conference, VII International Soybean Processing and Utilization Conference, IV Brazilian Soybean Congress. (Supplement): p. 85- 86, 2004.

NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. **Características da soja**. Embrapa-CNPSO, 2008. Disponível em: <
http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soia/arvore/CONTAGQ1_24_271020069131.html>. Acesso em: 15/10/2017.

NICOLINI, F. et al. Efeito de temperaturas na germinação de uredosporos de *Phakopsora pachyrhizi*. **Tropical Plant Pathology** 35 (Suplemento): S143, 2010a.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análises de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa. 126p. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Viçosa, 2011.

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Caracteres Qualitativos. In: Tuneo Sedyama. (Org.). **Melhoramento Genético da Soja**. 1ed. Londrina: Mecenias, v. 1, p. 33-56, 2015.

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Estádios de desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de Produção de Sementes de Soja**. 1.ed. Londrina-PR: Mecenias, v. 1, p. 15-44, 2013.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas ultimas décadas. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, p. 159-178, 2015.

NOSOJA, G. B. A.; RESENDE, M.L.V.; RESENDE, A.V. Uso de fosfitos e silicates na indução de resistência. In: CAVALCANTI, L.S.; DI PIERO, R.; CIA, P.; PASCHOLATI, S.F.; RESENDE, M.L.V.; ROMEIRO, R.S. (Ed). **Indução de resistência em plantas a patógenos e insetos**. Piracicaba: FEALQ, p.139-153, 2005.

NUNES, R. P. **Métodos para a Pesquisa Agrônômica**. Fortaleza: UFC/Centro de Ciências Agrárias, 1998. 564p.

ODA, M.C. et al. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 1 -9, 2015.

OLIVEIRA, A. B. de; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, p. 357-364, 2003.

OLIVEIRA, L. G. et al. Adaptability and stability of soybean yield in two soybean producing regions. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 852-861, 2012.

- OLIVEIRA, V. M. et al. Selection for wide adaptability and high phenotypic stability of Brazilian soybean genotypes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 1, p. 1-13.
- ONO, Y.; BURITICÁ, P.; HENNEN, J. F. Delimitation of *Phakopsora*, *Physopella* and *Cerotelium* and their species on Leguminosae. **Mycological Research**, England, v. 10, n. 96, p. 825-850, 1992.
- ORF, J. H.; DIERS, B. W.; BOERMA, H. R. Genetic improvement: conventional and molecular-based strategies. In: **Soybeans: Improvement, Production, and Uses**, 3rd ed. (Eds. HR Boerma, JE Specht). ASSA, CSSA, and SSSA, Madison, WI, p. 417-450, 2004.
- PANSTRUGA, R.; DODDS, P. N. Terrific proteins traffic: the mystery of effector protein delivery by filamentous plant pathogens. **Science**, United States, v. 324, p. 748-750, 2009.
- PARRA, R. M. A. **Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos de soja**. Piracicaba. 98p. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2011.
- PEREIRA, W. A. et al. Fluxo gênico em soja geneticamente modificada e métodos para sua detecção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 999-1006, 2007.
- PEREIRA, W. A. et al. Fluxo gênico recíproco entre cultivares de soja convencional e geneticamente modificada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, p. 227-236, 2012.
- PERKINS, J. M.; JINKS, J. L. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, London, v. 23, n. 3, p. 339-356. 1968.
- PIEROZZI, P. H. B. et al. New soybean (*Glycine max* Fabales, Fabaceae) sources of qualitative genetic resistance to Asian soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* (Uredinales, *Phakopsoraceae*). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 2, p. 505-511, 2008.
- PÍPOLO, A. E. et al. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja**. Londrina: Circular técnica 52, 10 p. 2007.
- PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, New Jersey, v. 36, n. 11, p. 381-385, 1959.
- PRADO, E. E. P. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001.
- PRETORIUS, Z. A.; KLOPPERS, F. J.; FREDERICK, R. D. First report of soybean rust in South Africa. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 85, n. 12, p. 1288, 2001.
- PRIOLLI, R. H. G. et al. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

- PRIOLLI, R. H. G. et al. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. **Genetics Molecular Biology**, São Paulo, v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522p.
- RAY, J. D. et al. Genetic resistance to soybean rust in PI567099A is at or near the *Rpp3* Locus. **Journal of Crop Improvement**, Manhattan, v. 25, p. 219–231, 2011.
- REIS, E. M. et al. Ferrugem Asiática. In: REIS, E. M.; TREZZI, R. T. **Doenças da soja: etiologia, sintomatologia, diagnose e manejo integrado**. Passo Fundo: Ed. Berthier, 436 p., 2012.
- REIS, E. M.; BRESOLIN, A. C. R. Ferrugem da soja: revisão e aspectos técnicos. Em: Reis, E. M. (Ed.). **Doenças na Cultura da Soja**. Aldeia Norte, Passo Fundo. p. 55-70. 2004.
- REIS, E. M.; BRESOLIN, A. C. R.; CARMONA, M. Doenças da soja. In: **Ferrugem asiática**. Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, 2006a.
- RIBEIRO, A. S. et al. Genetic control of Asian rust in soybean. **Euphytica**, Dordrecht, v. 157, n. 1-2, p. 15-25, 2007.
- ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, p. 609-614. 1963.
- ROBINSON, R. A. Disease resistance terminology. **Review of Applied Mycology, Surrey**, v.48, p. 593-606, 1969.
- ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 184p. Tese (Doutorado)- Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Universidade de São Paulo, 2002.
- ROCHA, R. B. et al. Avaliação do método Centróide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n. 3, p. 255-266, 2005.
- RODRIGUES, J. I. S. et al. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 2, 2017.
- ROLLA, A. A. P. et al. Phenotyping soybean plants transformed with rd29A: AtDREB1A for drought tolerance in the greenhouse and Field. **Transgenic Research**, London, v. 23, n. 1, p. 75-87, 2013.
- ROSSI, R. L. First report of *Phakopsora pachyrhizi*, the causal organism of Soybean Rust in the province of Misiones, Argentina. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 87, p. 102, 2003.
- ROY, K. W.; BAIRD, R. E.; ABNEY, T. S. A review of soybean (*Glycine max*) seed, pod, and flower mycofloras in North America, with methods and a key for identification of selected fungi. **Mycopathologia**, Netherlands, v. 150, n. 1, p. 15-27, 2000.

- RYTTER, J. L.; DOWLER, W. M.; BROMFIELD, K. R. Additional alternative hosts of *Phakopsora pachyrhizi*, causal agent of soybean rust. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 68, p. 818-819, 1984.
- SANTOS, C. A. F. et al. Parâmetros genéticos e seleção indireta de progênies F6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 42, n. 240, p. 155-166, 1995.
- SANTOS, E. R. et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 6, p. 755-764, 2011.
- SCHNEIDER, R. W.; C. A. HOLLIER.; H. K. WHITAM. First report of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* in the continental United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, p. 774, 2005.
- SEDIYAMA, T. et al. **Cultura da Soja** - I Parte. 3^o Reimpressão. Viçosa: Editora UFV, 1996, 96 p.
- SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, p. 553-603. 2013.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BARROS, H.B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenass, 2009, p. 1-5.
- SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. **A soja**. 1ed. Londrina: Editora Mecenass LTDA, v. 1, p. 11-18, 2016.
- SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. **Heredity**, Edinburgh, v.29, n.2, p. 237-245, 1972.
- SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; SOARES, M. M. **Época de semeadura**. 1ed. Londrina: Editora Mecenass LTDA, v. 1, p. 124-141, 2016.
- SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. An application of segmented linear regression to the study of genotypes environment interaction. **Biometrics**, Washington, v. 41, n. 4, p. 1093, 1986.
- SILVA, K. B. et al. Adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars for grain yield and oil content. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 2, p. 1-11, 2016.
- SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 23-30. 2006.
- SINCLAIR, J. B., BACKMAN, P. A. Compendium of Soybean Diseases (3th Ed.). **American Phytopathological Society**, St. Paul, 1993.

- SOARES, R. M. et al. Fungicidas no controle da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) e produtividade da soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 1245-1247, 2004.
- SOTOMAYOR-HERRERA, I. **La roya de la soya, estratégias de manejo**. INIAP-Pichilinge, Quevedo. (Boletín divulgativo, 330). 4 p. 2005.
- SOUSA, G. L. A. **Sintomas e controle da ferrugem da soja**. (2016). Disponível em: <<https://3rlab.wordpress.com/2016/06/24/sintomas-e-controle-da-ferrugem-da-soja/>>. Acesso: 2 de dez.2017.
- SOUSA, I. S. **Caracterização agromorfológica, adaptabilidade e estabilidade de populações e divergência genética entre linhagens de soja**. 2015. 179p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2015.
- SOUZA, M. A. **Adaptabilidade, estabilidade, correlações e coeficiente de trilha em genótipos de trigo (*Triticum aestivum* L.) em doze ambiente de Minas Gerais**. 118f. Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1985.
- STEWART, S.; GUILLIN, E. A.; DÍAZ, L. First Report of Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* in Uruguay. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, n. 8, p. 909, 2005.
- STORCK, L.; VENCOSKY, R. Stability analysis on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 1, p. 75-81, 1994.
- TAWARE, S. P.; HALVANKAR, G. B.; RAUT, V. M. Variability, correlation and path analysis in some germoplasm lines of soybean (*Glycine max*) with high oil content. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, New Delhi, v. 67, n. 10, p. 476-477, 1997.
- TEIXEIRA, F. G. et al. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, p. 1-17, 2017.
- TOLEDO, J. F. F. et al. **Soybean genetic breeding in Brazil**. In: World Soybean Research Conference, 7, 2004. Foz do Iguaçu. Proceeding. Londrina: EMBRAPA, p. 209-215, 2004.
- TRILLER, C.; TOLEDO, J. F. F. Using the F3 generation for predicting the breeding potential of soybean crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 2, p. 289-294, 1996.
- VAKILI, N. G.; BROMFIELD, K. R.. *Phakopsora* rust on soybean and other legumes in Puerto Rico. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 60, p. 995-999, 1976.
- VAL, B. H. P.; et al. Diversidade genética de genótipos de sojapor meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.
- VARELA, C. A. A. Análise de componentes principais. Apostilas didáticas. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, **Seropédica**, 2008, 12p.

- VASCONCELOS, E. S. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.
- VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 679-97. 1988.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. **Sociedade Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 1992, 496p.
- VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Germany, v. 53, n. 2, p. 89-91, 1978.
- VIDIC, M.; DORDEVIC, V.; PETROVIC, K.; MILADINOVIC, J. Review of soybean resistance to pathogens. **Field and Vegetable Crops Research**, Sérvia, v. 50, n. 2, p. 52- 61, 2013.
- WATANABE, S.; HARADA, K.; ABE, J. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. **Breeding Science**, Japan, v. 61, n. 5, p. 531-543, 2012.
- WESTCOTT, B. A method of assessing the yield stability of crop genotypes. **Journal of Agricultural Sciences**, Cambridge, v. 108, n. 2, p. 267-274. 1987.
- WHATLEY, J.M.; WHATLEY, F. R. **A luz e a vida das plantas**. São Paulo: EDU; EDUSP, (Temas de biologia, 30), 1982. 101p.
- WOODWORTH, C. M. Inheritance of growth habit, pod color, and flower color in soybeans. **Journal of American Society Agronomy**, v.15, p. 481-495, 1923.
- WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökivalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, v.52, p.127-138, 1965.
- WRICKE, G.; WEBER, E. W. **Quantitative genetcs and selection in plant breeding**. Walter de Gruyter: Berlin, 1986. 406p.
- WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2011. 100p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-55. 2013.
- YAMANAKA, N. et al. Genetic relationships between Chinese, Japanes and Brazilian soybean gene pools revelead by simple sequence repeat (SSR) markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 30, n. 1, p. 85-88, 2007.
- YÁÑEZ-MORALES, M. A. J. et al. 2009. Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* detected in the State of Campeche on the Yucatan Peninsula, Mexico. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 93, n. 8, p.847.

YEH, C. C., TSCHANZ, A. T.; SINCLAIR, J. B. Induced teliospore formation by *Phakopsora pachyrhizi* on soybeans and other hosts. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 71, p. 1111-1112, 1981.

YOKOMIZO, G. K. **Interação genótipos x ambientes em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão**. 1999. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

YORINORI, J. T. et al. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay, from 2001 to 2003. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, n. 6, p. 675 - 677, 2005.

YORINORI, J. T. et al. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 93, n. 6, p. 103, 2003.

YORINORI, J. T., WILFRIDO, M. P. **Ferrugem da soja: *Phakopsora pachyrhizi* Sydow**. Londrina : Embrapa, 2002.

YORINORI, J. T.; LAZZAROTTO, J. J. **Situação da ferrugem asiática da soja no Brasil e na América do Sul**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/soja/busca-de-publicacoes/publicacao/467964/situacao-da-ferrugem-asiatica-da-soja-no-brasil-e-na-america-do-sul>> Acesso: 23 out.2017.

YORINORI, J. T.; NUNES JUNIOR, J.; LAZZAROTTO, J. J. **Ferrugem “asiática” da soja no Brasil: evolução, importância econômica e controle**. Londrina: Embrapa Soja, Embrapa Soja. Documentos 204, 2004, 36 p.

ZAMBENEDETTI, E. B.; ALVES, E. D.; ARAÚJO V. Eventos dos processos de pré-penetração, penetração e colonização de *Phakopsora pachyrhizi* em folíolos de soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, p. 156-160, 2007a.

ZAMBOLIM, L. Manejo Integrado da Ferrugem Asiática da Soja. Em: Zambolim, L. (Org.). **Ferrugem Asiática da Soja**. Suprema Gráfica e Editora, Visconde do Rio Branco. p. 73-98, 2006.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. **Statistical analysis of a yield trial**. **Agronomy Journal**, v. 80, p. 388-393, 1988.

CAPÍTULO 2: DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECÇÃO NATURAL POR FERRUGEM, SEM FUNGICIDA

Resumo

O estudo da diversidade genética auxilia o melhorista na tomada de decisão da escolha de genitores que sejam mais divergentes, possibilitando a exploração da variabilidade genética pré-existente nos parentais. Os objetivos deste capítulo foram avaliar o desempenho agrônomico, determinar a diversidade genética entre linhagens e cultivares de soja sob infecção natural por *Phakopsora pachyrhizi* e indicar cruzamentos em soja visando resistência à ferrugem asiática. O experimento foi conduzido na safra 2016/17, na Fazenda Capim Branco da UFU com 14 genótipos de soja, sendo 12 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11) e 4 cultivares (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 e BRSGO 7560), em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Foi constatada a existência de variabilidade genética para todos os caracteres estudados, com exceção de altura de inserção de primeira vagem e altura de planta no florescimento. Os genótipos UFUS 1117-01, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 apresentaram resistência a *Phakopsora pachyrhizi* e os caracteres altura de planta na maturidade, número de vagens chochas, número de dias para maturidade e área abaixo da curva de progresso da doença foram os que mais contribuíram para a diversidade genética. As linhagens UFUS 1117-03 e UFUS 1117-06 foram as mais divergentes, e hibridações entre os seguintes pares de genótipos são promissoras para a obtenção de populações segregantes com alta variabilidade genética e resistência à ferrugem asiática UFUS 1117-06 x UFUS 1117-09; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-08; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-01; UFUS 1117-06 x TMG 801; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-10; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-07; UFUS 1117-06 x BRS GO7560.

Palavras-chaves: diversidade genotípica, seleção de genitores, resistência genética.

CHAPTER 2: GENETIC DIVERGENCE OF SOYBEAN GENOTYPES UNDER NATURAL RUST INFECTION WITHOUT FUNGICIDE

Abstract

The study of genetic diversity assists the breeder in the choice of parents which are more divergent, allowing the exploration of preexisting genetic variability in the parents. The objectives of this chapter were to evaluate the agronomic traits, to determine the genetic diversity between soybean strains and cultivars under natural infection by *Phakopsora pachyrhizi* and to indicate crosses in soybean for resistance to Asian rust. The experiment was conducted in the 2016/17 crop, at Fazenda Capim Branco, UFU, with 14 soybean genotypes, with 10 lines developed by the UFU Soybean Breeding Program (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 and UFUS 1117-11) and 4 cultivars (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 and BRSGO 7560), in a randomized complete block design with three replicates. It was verified the existence of genetic variability for all traits studied, except for first pod insertion height and plant height at flowering. The genotypes UFUS 1117-01, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 showed resistance to *Phakopsora pachyrhizi* and the traits plant height at maturity, number of empty pods, number of days at maturity and area below the disease progress curve were the major contributors to genetic diversity. The strains UFUS 1117-03 and UFUS 1117-06 were the most divergent, and hybridizations between the following pairs of genotypes are promising for obtaining segregant populations with high genetic variability and resistance to Asian rust UFUS 1117-06 x UFUS 1117-09 ; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-08; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-01; UFUS 1117-06 x TMG 801; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-10; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-07; UFUS 1117-06 x BRSGO 7560.

Key words: genotypic diversity, selection of parents, genetic resistance.

1. INTRODUÇÃO

O início do cultivo da soja (*Glycine max* L. Merrill) no Brasil deve-se à introdução de germoplasma americano. No entanto, devido às diferenças de latitudes entre os países, os genótipos trazidos não mostraram adaptação no Brasil (DALL'AGNOL, 2016). Dessa forma, durante muitos anos a soja passou por expressivos processos de melhoramento genético visando sua adaptação às regiões brasileiras (SEDIYAMA, 2015).

O melhoramento genético promoveu elevação da produtividade de grãos devido ao desenvolvimento de cultivares específicas a diversas condições edafoclimáticas e resistentes aos estresses bióticos e abióticos. A resistência às doenças foi uma das principais conquistas do melhoramento, entretanto, devido à evolução dos patógenos, muitas doenças surgiram, como a ferrugem asiática da soja, causada por *Phakopsora pachyrhizi*.

A ferrugem asiática é a doença mais destrutiva e a que causa os maiores danos na soja (FIALLOS, 2011). Devido à alta agressividade de *Phakopsora*, ampla gama de hospedeiros e facilidade de disseminação pelo vento, o controle genético faz-se necessário, pois a resistência genética é a estratégia mais eficaz a longo prazo para controle da ferrugem (SHUXIAN, 2010).

No processo de desenvolvimento de cultivares superiores e tolerante a ferrugem é necessária a identificação de fontes de genes de resistência e materiais que apresentem diversidade genética, a fim de se explorar nas populações segregantes a variabilidade proveniente das hibridações entre parentais. Entretanto, sabe-se que o germoplasma brasileiro é de base genética estreita, tendo originado de poucas linhagens ancestrais, o que limita a escolha de genitores (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

A estreita base genética da soja brasileira é comprovada por diversas pesquisas (BONETTI, 1983; PRIOLLI et al., 2004; MIRANDA et al., 2007). Wysmierski e Vello (2013), ao avaliarem a divergência genética de 444 cultivares brasileiras, constataram que apesar da origem proveniente de 60 ancestrais comuns, apenas quatro ancestrais representavam 55,26% da base genética.

Dessa forma, avaliação da diversidade genética orienta os melhoristas no processo de ampliação da base genética em programas de melhoramento, pois fornece informações úteis na utilização dos recursos além de direcionar na escolha de genitores mais divergentes (BERTAN et al., 2006). Os estudos são realizados com análises multivariadas

(VAL et al., 2014), medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamentos, componentes principais e variáveis canônicas a partir dos caracteres agronômicos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi: avaliar o desempenho agronômico e determinar a diversidade genética entre linhagens e cultivares de soja sob infecção natural por ferrugem; e indicar combinações de soja visando resistência à ferrugem asiática.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzindo na safra 2016/17, na fazenda experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, onde está instalado o Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, localizado no município de Uberlândia - Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude.

Avaliaram-se, 14 genótipos de soja, sendo 10 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11) e 4 cultivares (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 e BRSGO 7560), cujas características estão apresentadas a seguir (Tabela 1).

Tabela 1: Características das cultivares avaliadas em Uberlândia- MG.

Cultivares	Instituição de Origem	Cor de Flor	Ciclo (dias)	Reação à Ferrugem	Região de Adaptação
BRSGO 7560	EMBRAPA	Roxa	123	Resistente	MG, SP (norte), DF, GO
TMG 801	Fundação MT e TMG	Roxa	125	Resistente	MG, MS, GO, PR, RS, SC, SP, Paraguai
UFUS 7415	UFU	Roxa	117	Suscetível	GO, MG, MT
UFUS Riqueza	UFU	Branca	129	Tolerância média	GO, MG, MT

EMBRAPA: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Fundação MT: Fundação Mato Grosso; TMG: Tropical Melhoramento Genético; UFU: Universidade Federal de Uberlândia.

Os dados meteorológicos da área experimental durante a safra 2016/17 estão apresentados na Figura 1.



Figura 1: Temperatura média (°C) e precipitação (mm) na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia, na safra 2016/17. Fonte: Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco.

O experimento foi instalado em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de quatro linhas de plantas de soja com 5,0 m de comprimento, espaçadas entre elas a 0,5 m totalizando 10,0 m². A área útil foram as duas linhas centrais de cada parcela, sendo eliminadas 0,50 m de cada extremidade, referente à bordadura, totalizando 4,0 m².

A área experimental situa-se em Latossolo Vermelho Escuro distrófico, caracterizado por ser profundo e poroso, apresentando condições adequadas para o desenvolvimento da soja. O solo foi preparado convencionalmente: uma aração e duas gradagens, em seguida, realizou-se a adubação com o formulado 02-28-18 na dose de 400 kg ha⁻¹.

Anteriormente à semeadura, as sementes foram tratadas com o fungicida a base de Carbendazim e Tiram, de ação sistêmica e de contato, para prevenção das doenças mancha púrpura, Podridão de Fusarium, Phomopsis e Antracnose. Em seguida, realizou-se inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*, contendo duas estirpes de bactérias, as quais são capazes de estabelecer uma simbiose com a planta que culmina na formação de nódulos, local onde ocorre a fixação biológica de nitrogênio.

A semeadura ocorreu no dia 05 de novembro de 2016, de forma manual, em uma profundidade de 3 a 5 cm. Na sequência, aplicaram-se os herbicidas de princípios ativos S-Metolaclo-ro e Haloxifope-P-Metilico. O desbaste foi realizado 21 dias após a emergência, mantendo uma densidade de 15 plantas por metro linear. Para a manutenção da cultura limpa, capinas manuais foram realizadas.

O fertilizante foliar composto por Cobalto e Molibdênio, na dose de 100 mL ha⁻¹, foi aplicado 30 dias depois da emergência. O controle de pragas foi realizado com Acefato, na dose de 0,4 kg ha⁻¹ e inseticida composto por Tiametoxam e Lambda-Cialotrina, na dose de 200 mL ha⁻¹.

Não foram realizadas aplicações para o controle de *Phakopsora pachyrhizi*, diante disto, no aparecimento dos primeiros sinais e sintomas, foram feitas quantificações da severidade da ferrugem, definida como a porcentagem da área foliar coberta com sintomas da doença, utilizando-se a escala diagramática de Godoy (GODOY et al., 2006) (Figura 2).

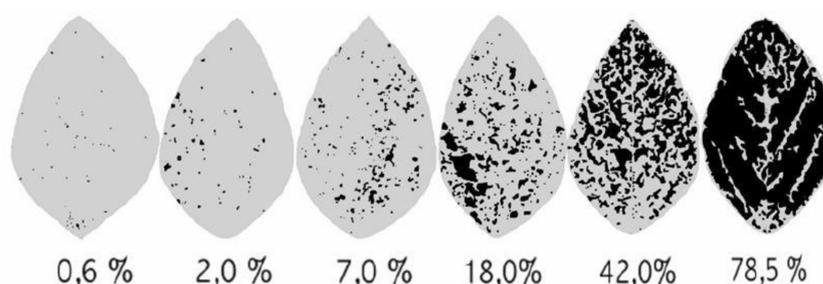


Figura 2: Escala diagramática de severidade da ferrugem asiática da soja (*Glycine max*) conforme a porcentagem de área foliar lesionada. Fonte: Godoy et al., (2006).

Foram realizadas três avaliações durante três semanas a partir do surgimento dos primeiros sinais, em cinco folíolos retirados de dois trifólios, coletados no terço médio, por parcela, sendo a média da severidade uma estimativa da média da doença na parcela.

Os valores da severidade média de cada parcela foram utilizados para cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença, AACPD (SHANER; FINNEY, 1977), pelo seguinte estimador:

$$AACPD = \frac{\sum_{n-1} [(X_i + X_{i+1})]}{2} \cdot (t_{i+1} - t_i)$$

Em que:

AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença;

n: número de avaliações;

X: é a severidade da doença;

(t_{i+1} - t_i): é o intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

Na parcela útil, foram amostradas aleatoriamente cinco plantas, as quais foram identificadas de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura (Tabela 2), proposto por Fehr e Caviness (1977).

Tabela 2: Descrição dos estádios fenológicos da soja proposto por Fehr e Caviness (1977).

Estádio		Descrição
Símbolo	Denominação	
V _E	Emergência	Os cotilédones estão acima da superfície do solo
V _C	Cotilédone desenvolvido	Cotilédones totalmente abertos
V ₁	Primeiro nó	As folhas unifolioladas estão completamente abertas
V ₂	Segundo nó	Primeira folha trifoliolada aberta
V ₃	Terceiro nó	Segunda folha trifoliolada aberta
V _(n)	Enésimo nó	“Enésimo” nó ao longo da haste principal com trifólio aberto
R1	Início do florescimento	Uma flor aberta em qualquer nó da haste principal
R2	Florescimento pleno	Maioria das inflorescências da haste principal com flores abertas
R3	Início da frutificação	Vagens com 0,5 a 1,5 cm de comprimento no terço superior da haste principal
R4	Frutificação plena	Maioria das vagens no terço superior da haste principal com comprimento de 2 a 4 cm (“canivete”)
R5	Início do enchimento de grãos	Grão com 3 mm de comprimento em vagem num dos 4 últimos nós do caule, com folha completamente desenvolvida
R6	Semente formada ou granação plena	100% de granação. Maioria das vagens no terço superior contendo sementes verdes em seu volume máximo (“vagem gorda”)
R7	Início da maturação	Uma vagem normal no caule com coloração de madura
R8	Maturação plena	95% das vagens com coloração de madura

As plantas selecionadas foram identificadas com fita colorida e os seguintes dados foram mensurados nos estádios correspondentes:

a) Altura de planta na floração (APF) e altura de planta na maturidade (APM): distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal, quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.

b) Número de nós na haste principal na floração (NNF) e na maturidade (NNM): contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.

c) Número de dias para a floração (NDF) e para a maturidade (NDM): número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1) e quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

d) Altura de inserção de primeira vagem (A1V): distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal.

e) Número de nós produtivos (NNP): contagem do número de nós na haste principal que apresentaram vagens.

f) Número de vagens cheias (NVC): após a colheita, foram contadas todas as vagens cheias produzidas pela planta, contendo 1, 2, 3 e 4 grãos;

g) Número de vagens chochas (NVCo): após a colheita, foram contadas todas as vagens chochas produzidas pela planta;

h) Produtividade de grãos (PROD): avaliada por meio do material colhido e trilhado em cada parcela útil, transformado para kg ha⁻¹ e corrigido a 13% de umidade, conforme seguinte estimador:

$$PF = \frac{PI \times (100 - UI)}{(100 - UF)}$$

Em que:

PF: peso corrigido da amostra de grãos;

PI: peso inicial da amostra de grãos;

UI: umidade inicial da amostra de grãos;

UF: umidade final da amostra (13%) de grãos.

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres, realizaram-se as análises de variâncias conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + G_i + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter no genótipo “i”, na repetição “j”;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

ε_{ij} : erro experimental associado ao genótipo “i” no bloco “j”.

Na tabela 3 está representada a análise de variância, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

Tabela 3: Análise de variância individual com as respectivas fontes de variação, graus de liberdade, quadrados médios, esperanças matemáticas dos quadrados médios e estatística F.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Genótipos	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$	QMG/QME
Blocos	b-1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QME
Erro	(g-1)(b-1)	QME	σ^2	
Total	(gb)-1			

gl: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança do quadrado médio

Em seguida, estimou-se o coeficiente de determinação genotípico H^2 conforme o estimador:

$$H^2 = \frac{\widehat{\phi_g}}{\frac{QM_{gen\acute{o}tipo}}{r}}$$

$$\widehat{\phi_g} = \frac{QM_{gen\acute{o}tipo} - QM_{erro}}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico, expresso em porcentagem;

$\widehat{\phi_g}$: variabilidade genética estimada;

QM genótipo: quadrado médio do genótipo;

QM erro: quadrado médio do erro;

r = número de repetições;

Diante da significância dos caracteres, agruparam-se os genótipos com base no teste de Scott- Knott ao nível de 1% e 5%.

Foi estimada a dissimilaridade genética entre todos os pares de genótipos pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), conforme o estimador abaixo:

$$D^2_{ii'} = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ' : [$d_1 d_2 \dots d_v$] sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

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

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foi feito o agrupamento desses pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupos (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962).

Com base no método hierárquico de Ligação Média entre Grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* – UPGMA), obteve-se dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade, sendo que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j é dado por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1962). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade era menor; posteriormente, outros genótipos foram incluídos nesse grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido (θ) da medida da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo. A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} \leq \theta \text{ inclui-se o genótipo } k \text{ no grupo;}$$

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} > \theta \text{ o genótipo } k \text{ não é incluído;}$$

Em que:

n: número de genótipos do grupo original.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi dado por:

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

Foi determinada a contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos pela Metodologia de Singh (1981) conforme a estatística S_{ij} :

$$D_{ii}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

$\omega_{jj'}$: elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variância e covariâncias residuais.

Com o intuito de avaliar o padrão de agrupamento em um plano cartesiano, as análises de variáveis canônicas foram realizadas. Para essa análise, utilizaram-se as matrizes de variância e covariância fenotípicas e residuais entre os caracteres (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

As análises estatísticas foram realizadas usando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos avaliados, com exceção de altura de inserção da primeira vagem e altura de planta na floração, ao nível de 1% e 5%, pelo teste F (Tabela 2), revelando a possibilidade de seleção de linhagens superiores. Teixeira et al. (2017), Machado et al. (2017), Cantelli et al. (2016) e Barros et al. (2016) também constataram a existência de variabilidade genética para os mesmos caracteres desse estudo. Entretanto, alguns autores como Bizari et al. (2017) não detectaram variabilidade genética para altura de planta na maturidade e número de vagens.

Tabela 2: Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres agronômicos e produtividade de grãos de 14 genótipos de soja, na safra 2016 na safra 2016/17, em Uberlândia- MG.

Caracteres	QMG	H ² (%)	CVg/CVe	CV(%)
NDF	163,70*	96,71	3,13	4,34
APF	190,23	4,42	0,12	21,77
NNF	23,45*	85,27	1,39	12,20
NDM	70,40*	96,16	2,89	1,29
APM	497,45**	61,19	0,73	17,62
NNM	37,87*	93,71	2,23	8,67
A1V	18,14	0,00	0,00	35,37
NNP	9,96*	80,04	1,16	12,53
NVC	22,26**	57,80	0,66	18,16
NVCo	14071,31*	79,23	1,13	42,86
PROD	1389703,23*	73,32	0,87	28,22
AACPD	31436,85*	68,55	0,85	34,77

NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura de planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APM: altura de planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade; A1V: altura de inserção da primeira vagem; NNP: número de nós produtivos; NVC (dado transformado): número de vagens cheias; NVCo: número de vagens chochas; PROD: produtividade; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; QMG: quadrado médio do genótipo; H²: coeficiente de determinação genotípico, CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação experimental; CV: coeficiente de variação geral. ** e *significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Para obtenção do progresso genético em trabalhos de melhoramento, a precisão experimental é de fundamental importância (LEITE et al., 2015). Diante disto, ao avaliar o coeficiente de variação (CV) notou-se oscilação de 1,29% para NDM, a

42,86%, para NVC (Tabela 2). Os maiores valores de CV foram para NVCo (42,86%), ALT1V (35,37%), AACPD (34,77) e PROD (28,22%).

A produtividade de grãos sofre influência de uma ampla gama de fatores, dessa forma as estimativas obtidas nesse estudo de 28,22% estão dentro do recomendando para experimentos de campo (inferior a 30%), segundo Pimentel Gomes (1987). Além disso, trata-se da avaliação de linhagens e de um caractere de natureza quantitativa, ou seja, controlados por muitos genes e altamente influenciados pelo ambiente (LEITE et al., 2015).

Os menores valores de CV foram de 1,29% (NDM), 4,34% (NDF) e 8,67% (NNM), os quais estão próximos aos encontrados por Teixeira et al. (2017) e Felici (2017). Esses valores, segundo Pimentel Gomes (2009), são considerados baixos, pois foram inferiores a 20%. Os valores de CV desse estudo estão em consonância com os obtidos por Perini Júnior et al. (2012), Nogueira et al. (2012), Teixeira et al. (2017) e Machado et al. (2017) ao estudarem também genótipos de soja.

Em estudo sobre correlações entre os caracteres agronômicos em progênies F₆ de soja, Souza et al. (2015) encontraram CV variando de 3,74% para número de dias para a maturidade, a 20,96% para altura de planta no florescimento.

Quando gerações avançadas são avaliadas, o parâmetro genético H² é denominado de coeficiente de determinação genotípico, pois são genótipos fixados e pré-selecionados (VASCONCELOS et al., 2012; YOKOMIZO; VELLO, 2000). O conhecimento desse parâmetro permite estabelecer os ganhos genéticos a serem obtidos, além de auxiliar na definição da estratégia a ser utilizada nos programa de melhoramento (BALDISSERA et al., 2014).

Valores de H² acima de 70% são considerados altos (RAMALHO et al., 2012), dessa forma, os caracteres de NDF (96,71%), NDM (96,16%), NNM (93,71%), NNF (85,27%), NNP (80,04%), NVCo (79,23%) e PROD (73,32%) obtiveram altas estimativas (Tabela 2), indicando predominância de diferenças genéticas e perspectiva de sucesso pela seleção fenotípica. Esse sucesso de seleção é reafirmado pelas estimativas próximas ou superiores a 1 para a razão CV_g/CV_e (Tabela 2).

Estimativas inferiores a 70% foram encontrados para os caracteres: APF (4,42%), APM (61,19%), A1V (0,00), NVC (57,80%) e AACPD (68,55%) (Tabela 2). Zhang et al. (2015) ao avaliarem 309 genótipos de soja verificaram altos valores de H² para NDF (95,6%), NDM (94,2%) e APM (82,8%), o que está de acordo com esse estudo, com exceção de APM, que obteve baixa estimativa. Bizari et al. (2017)

encontraram os menores valores de H^2 para número de vagens (54,19 %) e altura da planta na maturidade (65,73 %), corroborando com esse estudo.

Nesse estudo, o caráter PROD apresentou estimativa de H^2 alta, entretanto, usualmente ele apresenta baixo H^2 , devido ao comportamento quantitativo, em função de um grande número de *loci* que o controla, pois grande parte da variação fenotípica é de origem ambiental (HAMAWAKI et al., 2012). Valores médios a altos para H^2 e coeficiente de variação genética estão relacionados à maior variabilidade genética e acurácia seletiva, além de possibilitar a seleção de linhagens de soja com características superiores.

Outro parâmetro importante ao melhoramento é a razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe), o qual é indicativo de obtenção de ganhos genéticos mais expressivos na seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Quando o valor estimado for maior ou igual à unidade, significa que a variação genética disponível é a principal responsável pela variação estimada dos dados experimentais, indicando facilidade de seleção de genótipos para o caráter (LEITE et al., 2016; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Analisando as razões CVg/CVe (Tabela 2), os caracteres NDF (3,13), NNF (1,39), NDM (2,89), NNM (2,23), NNP (1,16), NVCo (1,13), apresentaram valores superiores a 1, indicando características favoráveis a seleção. Além disso, valores de CVg/CVe próximos à unidade, foram encontrados para PROD (0,87), AACPD (0,85), APM (0,73) e NVC (0,66), e os menores valores para A1V (0,00), APF (0,12) (Tabela 2). Resultados semelhantes foram encontrados por Leite et al. (2016), Barros et al. (2016), Machado et al. (2017) e Teixeira et al. (2017).

Tabela 3: Caracteres agrônômicos avaliados em 14 genótipos de soja cultivados sob infecção natural por *Phakopsora pachyrhizi*, em Uberlândia-MG, safra 2016/17.

Genótipos	NDF	APF (cm)	NNF	NDM	APM (cm)	NNM
UFUS 1117-01	49,33 c	68,40 a	15,00 a	124,67 c	79,87 a	17,73 b
TMG 801	47,33 c	67,60 a	15,20 a	125,67 c	79,53 a	17,60 b
UFUS 1117-02	41,67 d	54,73 a	12,67 b	120,67 d	62,40 b	14,40 c
BRSO 7560	41,67 d	53,13 a	10,07 b	123,33 c	62,33 b	11,80 c
UFUS RIQUEZA	60,33 a	61,33 a	16,13 a	131,33 b	82,60 a	18,87 b
UFUS 1117-03	63,33 a	54,80 a	17,47 a	134,00 a	97,13 a	25,73 a
UFUS 7415	44,00 d	54,13 a	11,73 b	118,00 d	67,13 b	13,60 c
UFUS 1117-05	55,33 b	52,20 a	17,87 a	126,33 c	62,73 b	19,60 b
UFUS 1117-06	59,33 a	70,20 a	19,67 a	133,33 a	88,40 a	20,67 b
UFUS 1117-07	55,33 b	52,40 a	11,67 b	130,33 b	62,73 b	13,73 c
UFUS 1117-08	56,00 b	67,87 a	16,07 a	129,00 b	93,26 a	18,67 b
UFUS 1117-09	58,67 a	69,07 a	17,00 a	131,67 b	89,07 a	19,47 b
UFUS 1117-10	53,67 b	73,53 a	14,80 a	131,33 b	85,53 a	17,67 b
UFUS 1117-11	61,67 a	67,80 a	17,87 a	130,00 b	91,40 a	19,60 b
MÉDIA	53,40	61,94	15,22	127,83	78,87	17,79

NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura de planta no florescimento; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APM: altura de planta na maturidade; NNM: número de nós na maturidade. Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott-Knott, a 1% e 5% de probabilidade.

Na Tabela 3 é possível observar as médias dos valores fenotípicos dos genótipos em relação aos caracteres NDF, APF, NNF, NDM, APM e NNM. Os caracteres NDF e NDM permitiram separar os genótipos em quatro grupos. Os genótipos com menores ciclos vegetativos foram UFUS 7415 (44 dias), UFUS 1117-02 (41,67 dias) e BRSO 7560 (41,67), seguido de UFUS 1117-01 (49,33 dias) e TMG 801(47,33). Entretanto, UFUS 1117-03 (63,33 dias), UFUS 1117-06 (59,33 dias), UFUS 1117-09 (58,67 dias), UFUS Riqueza (60,33 dias) e UFUS 1117-11 (61,67 dias) apresentaram as maiores fases vegetativas. Machado et al. (2017) ao estudar 24 genótipos de soja identificou 5 grupos diferentes quanto ao ciclo vegetativo, sendo 45,3 dias o menor valor e 61,7 dias o maior.

O florescimento da soja é induzido quando o comprimento do dia é menor que o fotoperíodo crítico da cultivar (BARROS; SEDIYAMA, 2009), portanto, cultivares que apresentam maiores NDF percebem o estímulo para o florescimento mais tarde, e dessa forma, conseguem desenvolver mais, atingem maiores alturas, maiores pesos de matéria seca e maior produção, no entanto, genótipos de menores fases vegetativas, tendem a menores alturas na maturidade e baixas produtividades (SEDIYAMA et al., 2016).

Quanto ao número de dias para a maturidade, as linhagens UFUS 7415 e UFUS 1117-02 apresentaram os menores NDM, 118 e 120,67 dias, respectivamente, sendo, portanto identificadas como ciclo médio (NEPOMUCENO et al., 2008). As linhagens UFUS 1117-03 e UFUS 1117-06 foram identificadas com os maiores NDM, 134, 00 e 133,33 dias, e são, portanto genótipos semitardios (NEPOMUCENO et al., 2008).

Percebe-se que as plantas com maiores NDF são também as plantas com maiores NDM, o que está de acordo com Pires et al. (2012), que encontraram que as plantas de soja com maior ciclo vegetativo no município de Gurupi, no Tocantins, apresentaram também maior período para atingir a maturidade.

Cunha et al. (2013) ao avaliarem 79 progênies de soja em geração F5, semeadas em fevereiro, encontraram duas linhagens de ciclo precoce (92 dias). Isso se deve ao fato que devido ao momento da semeadura, as plantas foram induzidas a floração precoce, pois a soja é uma planta de dias curtos e sensíveis ao fotoperíodo. Essa indução precoce não foi observada neste estudo, visto que a semeadura dos genótipos ocorreu em novembro, ou seja, dentro do período recomendado para a cultura (EMBRAPA, 2016).

Os genótipos UFUS 7415 e UFUS 1117-02 por apresentarem menores NDM (Tabela 3) podem ser selecionados visando-se a realização de uma segunda safra na mesma área. Além disso, genótipos de ciclo menores são utilizados no escape de doenças, como a ferrugem asiática, reduzindo assim o número de aplicações de fungicidas (SILVA; JULIATTI; SILVA, 2007; SILVA et al., 2015; UNÊDA - TREVISOLI et al., 2010).

O caráter altura de planta na floração não apresentou variabilidade genética (Tabela 3), não sendo, portanto possível à separação entre grupos. A altura de planta na maturidade oscilou entre 62,33 cm e 93,26 cm, e foi possível a obtenção de dois grupos, sendo UFUS 1117-01, UFUS 1117-03, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10, TMG 801, UFUS Riqueza e UFUS 1117-11 os genótipos que apresentaram estimativas de APM superiores (Tabela 3).

A altura de planta na floração e maturidade representam características de grande importância ao cultivo da soja, visto que plantas que apresentam alturas maiores que 100 cm tendem a acamar dificultando a colheita mecanizada (NOGUEIRA et al., 2009; SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Sabe-se que plantas com altura na maturidade entre 70 e 80 cm estão na faixa ideal, e são adequadas à colheita mecanizada (SEDIYAMA, TEIXEIRA; REIS, 2013; CUNHA et al., 2013). Além disso, caracteres

relacionados à floração e maturidade são importantes para melhorar o rendimento, especialmente o valor agrônômico (LOPES et al., 2002).

A média de APF encontrada nesse estudo (Tabela 3) foi de 61,94 cm, estimativa abaixo do encontrado por Hamawaki et al. (2010) ao avaliarem o desempenho agrônômico de 24 genótipos de soja em Minas Gerais, que obtiveram média de 86,8 cm.

Ainda na Tabela 3 foi possível analisar os dados de número de nós na haste principal na floração (NNF). Foi possível separar os genótipos em dois grupos, corroborando com o relatado por Teixeira et al. (2017), ao estudarem 37 genótipos de soja, em Uberlândia- MG. O número de nós no florescimento oscilou de 10,07 para o genótipo BRSGO 7560 a 19,67, para UFUS 1117-06.

Quanto ao número de nós na maturidade (Tabela 3), as médias oscilaram entre 11,80 para BRSGO 7560 e 25,73 para UFUS 1117-03, limite superior ao encontrado por Machado et al. (2017). Obteve-se a formação de três grupos, em que UFUS 1117-03 apresentou o maior número de nós, seguido do grupo formado pelos genótipos que obtiveram médias entre 9,60 a 20,67: UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS Riqueza, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09 e UFUS 1117-10, UFUS 1117-11. Nesse grupo, encontram-se os genótipos com número de nós desejáveis ao melhoramento, o qual deve ser de 17 a 18 nós na haste principal (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Os genótipos UFUS 1117-02, UFUS 1117-04 e UFUS 1117-07 e BRSGO 7560, apresentaram os menores números de nós na maturidade.

Na Tabela 4 estão representadas as médias fenotípicas dos caracteres altura de inserção da primeira vagem, número de nós produtivos, número de vagens cheias, número de vagens chochas e produtividade.

Tabela 4: Médias dos caracteres agrônômicos, produtividade de grãos e AACPD, avaliados em 14 genótipos de soja, na safra 2016/17, em Uberlândia- MG.

Genótipos	AIV (cm)	NNP	NVC	NVCo	PROD (kg ha ⁻¹)	AACPD
UFUS 1117-01	14,07 a	10,73 a	17,31 a	125,33 b	2283,12 a	237,77 b
TMG 801	11,07 a	11,47 a	18,08 a	122,33 b	2805,11 a	191,57 b
UFUS 1117-02	8,87 a	10,60 a	16,53 a	64,00 b	1638,52 b	287,23 a
BRSO 7560	10,73 a	7,87 b	12,19 b	32,00 b	3468,56 a	94,78 b
UFUS RIQUEZA	16,33 a	12,33 a	19,55 a	161,00 b	2200,95 a	320,60 a
UFUS 1117-03	11,53 a	14,20 a	18,87 a	266,00 a	1392,39 b	395,73 a
UFUS 7415	10,07 a	8,67 b	17,45 a	83,00 b	2385,66 a	285,60 a
UFUS 1117-05	14,47 a	11,20 a	12,58 b	84,67 b	1378,72 b	396,90 a
UFUS 1117-06	13,73 a	12,33 a	19,70 a	257,33 a	2656,74 a	332,03 a
UFUS 1117-07	11,27 a	8,87 b	16,80 a	91,67 b	2368,32 a	192,27 b
UFUS 1117-08	11,67 a	11,13 a	18,88 a	136,33 b	2523,92 a	248,03 b
UFUS 1117-09	14,67 a	12,87 a	20,50 a	163,67 b	2599,65 a	183,12 b
UFUS 1117-10	11,60 a	11,80 a	13,53 b	64,33 b	2283,12 b	237,77 b
UFUS 1117-11	17,35 a	13,40 a	14,33 b	114,00 b	1040,67 b	466,78 a
MÉDIA	12,67	11,25	16,88	126,12	2157,54	285,98

AIV: altura de inserção da primeira vagem; NNP: número de nós produtivos; NVC: número de vagens cheias; NVCo: número de vagens chochas; PROD: produtividade; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença. Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott-Knott, a 1% e 5% de probabilidade.

Não houve variabilidade genética para o caráter altura de inserção de primeira vagem. Para esse dado, os valores oscilaram de 8,87 a 17,35, porém não foi possível separar os genótipos em grupos (Tabela 4). Plantas mais altas na floração e consequentemente com maiores alturas na maturidade, apresentam maior altura de inserção de primeira vagem, o que facilita a colheita mecanizada, sendo que a altura de inserção desejável é de 15 cm (ALMEIDA et al., 2011), essa relação não foi observada nesse estudo.

Quanto ao número de nós produtivos (NNP), os valores oscilaram de 7,87 a 13,40 permitindo assim a separação dos genótipos em dois grupos (Tabela 4). O primeiro grupo, caracterizado pelos genótipos de maior NNP, foi constituído por UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-11, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11.

O caráter NNP é de extrema importância, visto que é fortemente relacionado à produtividade de grãos. Isto se deve ao fato que cultivares que apresentem maior número de nós produtivos nos ramos terão consequentemente maior produção de grãos (NAVARRO JUNIOR; COSTA, 2002).

Os genótipos que apresentaram os maiores número de nós no florescimento (NNF) apresentaram o número desejável de nós na maturidade (NNM), que foram UFUS 1117-01, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10, UFUS Riqueza, TMG 801 e UFUS 1117-11. Esses mesmos genótipos, com exceção do UFUS 1117-03, apresentaram também os maiores números de nós produtivos (NNP). Em contrapartida, dentre esses, apenas UFUS 1117-01, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, TMG 801 e UFUS Riqueza converteram-se em genótipos mais produtivos.

Estimativas mais elevadas para NNM foram observadas nos genótipos: UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS Riqueza, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11. Os genótipos UFUS Riqueza, UFUS 1117-06, UFUS 1117-09 e UFUS 1117-11, tiveram período vegetativo longo, o qual é essencial para o desenvolvimento da estatura da planta, e espera-se que plantas mais altas, desde que dentro do recomendado para a cultura, apresentem maiores números de nós.

Quanto ao número de vagens cheias (NVC) e número de vagens chochas (NVCo), foi possível obter dois grupos fenotipicamente distintos (Tabela 4). Dos genótipos avaliados, 71% situaram-se no grupo com os maiores números de vagens cheias, no qual as médias oscilaram de 16,53 a 20,50 (Tabela 4), são eles: UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS 1117-02, UFUS Riqueza, UFUS 1117-03, UFUS 7415, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-09. Para NVCo, as médias variaram de 32 para BRSGO 7560, a 266 para UFUS 1117-03 (Tabela 4).

As linhagens e as cultivares UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS 1117-02, UFUS Riqueza, UFUS 1117-03, UFUS 7415, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08 UFUS 117-09 foram os genótipos que obtiveram as maiores quantidades de vagens cheias (Tabela 4), o que se converteu em altas produtividades, com exceção de UFUS 1117-02, UFUS 1117-03. A cultivar BRSGO 7560 apesar de não pertencer ao grupo de alto NVC e sim do grupo de alto NVCo, obteve altas produtividades. O genótipo UFUS 1117-06 destacou-se por participar do grupo de maior NVC e NVCo e ter altas produtividades.

Teixeira et al. (2017) ao avaliarem o número de vagens produtivas em 35 linhagens de soja, observaram a formação de dois grupos, com médias variando de 11 a 23,45, sendo o grupo mais produtivo constituído de 11 genótipos.

Durante todo o período de cultivo da soja, as temperaturas entre 23 °C e 25 °C e a disponibilidade hídrica (Figura 1) foram favoráveis ao desenvolvimento da ferrugem asiática. O sucesso da infecção do fungo, severidade e intensidade da epidemia dependem de suscetibilidade do hospedeiro associado a temperaturas entre 15 a 28 °C, sendo ótima 21 °C (NICOLINI et al., 2010a) e disponibilidade hídrica para molhamento foliar (BERGAMIM FILHO, 2006; DEL PONTE et al., 2006; MEGETO et al., 2014).

Na Tabela 4 está representado o teste de médias para a AACPD, o qual separou os genótipos em dois grupos distintos, com médias oscilando de 94,78 a 466,78. Os genótipos UFUS 1117-01, TMG 801, BRSGO 7560, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09 e UFUS 1117-10 apresentaram os menores progressos da doença, mostrando-se mais resistentes do que os demais. É possível perceber também que esses genótipos foram os que apresentaram maiores produtividades, com exceção de UFUS 7415, que apesar da alta produtividade, o progresso da doença não foi lento. A tolerância pode ser classificada como uma resistência aparente (AGRIOS, 1997). Ela é observada em situações em que uma planta é atacada por um patógeno na mesma intensidade que outras plantas, mas como resultado da infecção sofre menos danos em termos de produtividade ou qualidade do produto (ROBINSON, 1969).

Notou - se também que o genótipo UFUS 1117-10 possui lento progresso da doença, porém não apresentou alta produtividade (Tabela 4), o que pode estar relacionado a outros fatores incidentes no ciclo do genótipo.

Os altos valores de NVCo estão relacionados com a severidade da ferrugem no período de cultivo, avaliada pelo progresso da doença (Tabela 4), visto que o rápido amarelecimento e queda das folhas prejudicam a plena formação de grãos (SOARES et al., 2004), além disso, a ocorrência da ferrugem asiática em fases reprodutivas contribui para a maior formação de vagens chochas (BARBOSA et al., 2014).

Na formação dos dois grupos para NVCo, apenas os genótipos UFUS 1117-03 e UFUS 1117-06 foram identificados com altos valores (Tabela 4), é interessante ressaltar que os demais materiais ficaram situados no mesmo grupo estatístico das cultivares TMG 801 e BRSGO 7560, as quais apresentam reação de resistência a ferrugem asiática da soja, por possuírem a tecnologia INOX (TMG INSTITUCIONAL, 2018) e serem portadoras de um gene maior recessivo, o qual confere resistência vertical (EMBRAPA, 2009), respectivamente.

O número total de vagens é um dos mais importantes componentes da produção da soja, em virtude da correlação com a produtividade (ALCÂNTARA NETO et al.,

2011; LEITE et al., 2016; VIANNA et al., 2013). Entretanto, é de extrema importância estratificar o número total de vagens em vagens cheias e chochas, visto que as vagens chochas não constituem um componente de produção, pois apresentam baixo peso ou até mesmo ausência de grão.

A soja pode produzir até 400 vagens, no entanto, as cultivares brasileiras apresenta média de 30 a 80 vagens por planta, sendo que a maioria dos genótipos apresenta vagens com duas a três sementes, podendo algumas vagens conter até cinco sementes (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Alta produtividade de grãos é o principal foco do melhoramento genético. Os dados de PROD permitiram a diferenciação em dois grupos, um mais e o outro menos produtivo (Tabela 4). Teve-se uma amplitude de valores de 1040,67 kg ha⁻¹ a 3468,56 kg ha⁻¹. Os genótipos mais produtivos foram: UFUS 1117-01, TMG 801, BRSGO 7560, Riqueza, UFUS 7415, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-09.

No grupo dos genótipos mais produtivos (Tabela 4), as médias oscilaram de 2283,12 kg ha⁻¹, para UFUS 1117-01, a 3468,56 kg ha⁻¹, para BRSGO 7560, valores esses em sua maioria inferiores à produtividade média alcançada na safra 2016/17 no Brasil, que foi de 3362, 0 kg ha⁻¹ (CONAB, 2017). A diferença entre os grupos produtivos mostrou uma expressiva variação da produtividade, informação essa que está de acordo com o encontrado por Teixeira et al. (2017), Junior et al. (2015) e Marconato et al. (2015).

Delgado et al. (2016) ao avaliarem 26 genótipos de soja obtiveram a formação de três grupos para o caráter produtividade, sendo que o primeiro grupo foi formado por 19 genótipos, com valores acima de 3654,5 kg ha⁻¹.

Em relação às análises da divergência genética, as medidas de dissimilaridade foram obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) envolvendo 14 genótipos e 12 caracteres, e estão apresentadas na Tabela 5. As estimativas oscilaram de 5 a 569, indicando a ampla variabilidade genética entre os genótipos.

Tabela 5: Dissimilaridade entre 14 genótipos de soja em relação a 12 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Genótipos	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)
(1)	5	53	37	48	343	48	32	77	132	25	44	40	21
(2)		44	25	61	348	50	43	94	136	31	51	48	23
(3)			40	174	569	18	125	214	317	91	155	160	103
(4)				133	466	41	100	176	215	62	111	119	76
(5)					209	150	50	18	63	38	11	2	33
(6)						534	259	155	130	386	177	222	282
(7)							127	190	307	84	126	144	116
(8)								44	82	63	52	48	27
(9)									53	88	23	26	53
(10)										137	70	62	86
(11)											54	32	25
(12)												13	39
(13)													24

(1) UFUS 1117-01; (2) TMG 801; (3) UFUS 1117-02; (4) BRSGO 7560; (5) UFUS RIQUEZA; (6) UFUS 1117-03; (7) UFUS 7415; (8) UFUS 1117-05; (9) UFUS 1117-11; (10) UFUS 1117-06; (11) UFUS 1117-07; (12) UFUS 1117-08; (13) UFUS 1117-09; (14) UFUS 1117-10.

A combinação entre (3) UFUS 1117-02 e (6) UFUS 1117-03 foi a mais divergente, apresentando distância de $D^2 = 569$, enquanto que a menor distância foi obtida entre (1) UFUS 1117-01; (2) TMG 801, com $D_2 = 5$ (Tabela 5). Entre as maiores distância encontradas, (6) UFUS 1117-03 esteve presente em 100% das combinações, denotando alta divergência entre os genótipos estudados.

Machado et al. (2017), ao estudarem a divergência genética entre genótipos de soja, observaram uma magnitude de dissimilaridade entre 32 a 1362, enquanto que Junior et al. (2015), em experimento com 41 genótipos de soja, encontraram distância genética oscilando de 3,18 a 279,81.

O dendograma resultante da dissimilaridade genética dos genótipos com base nos caracteres avaliados, pelo método UPGMA está representado na Figura 2, cuja estimativa de correlação cofenética foi de 0,81, evidenciando bom ajuste entre as representações gráficas das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original, pois sua estimativa foi acima de 0,7 (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Desse modo, a estimativa obtida ficou acima do limite estabelecido, corroborando com outros estudos de diversidade genética na cultura da soja (RIGON et al., 2012; SOUSA et al., 2015; MACHADO et al., 2017).

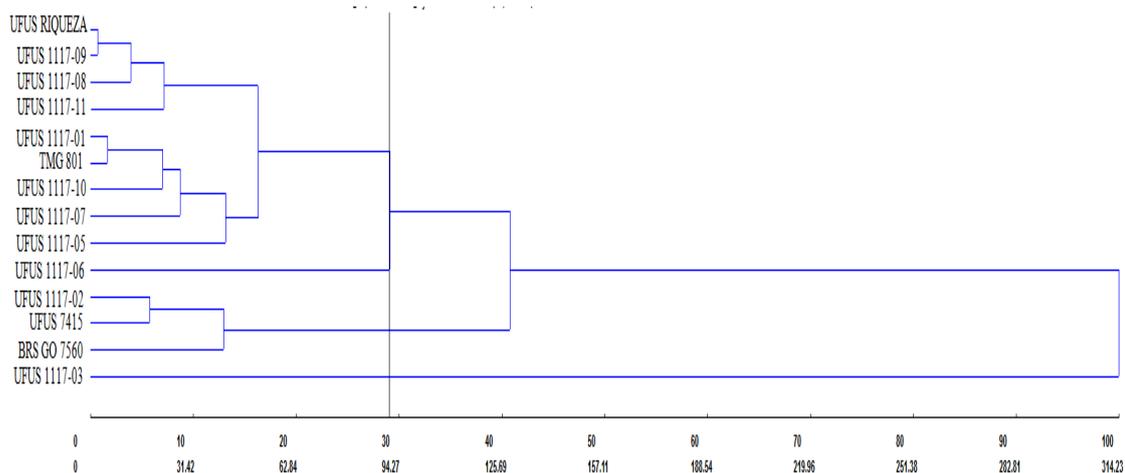


Figura 2: Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 14 genótipos de soja, obtido pelo método UPGMA, utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis. Coeficiente de correlação cofenética = 0,81.

A delimitação dos grupos foi realizada de forma subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Assim, considerando dissimilaridade ao nível de 30 % no critério de delimitação dos grupos, porcentagem significativa pelo teste de Mojema, teve-se a formação de 4 grupos distintos, sendo que o primeiro absorveu 64% dos genótipos estudados.

Os genótipos pertencentes ao grupo I foram: UFUS Riqueza, UFUS 1117-09, UFUS 1117-08, UFUS 1117-11, UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS 1117-10, UFUS 1117-07 e UFUS 1117- 05; grupo II: UFUS 1117-06; grupo III: UFUS 1117-02, UFUS 7415, BRS GO 7560; grupo IV: UFUS 1117-03. Notou-se que UFUS 1117-06 e UFUS 1117-03 permaneceram em grupos individuais, apresentando, portanto, alta divergência em relação aos demais.

Dos genótipos pertencentes ao grupo I, com exceção de UFUS Riqueza, UFUS 1117-05, UFUS 1117-09 e UFUS 1117-11, todos apresentaram resistência à ferrugem asiática, no entanto, UFUS 1117-10 não obteve altas produtividades.

O grupo II foi formado apenas pelo genótipo UFUS 1117-06, o qual apresentou várias características de interesse agrônomo, como: bom número de dias para o florescimento, número ideal de nós na maturidade e nós produtivos, alta quantidade de vagens cheias e de produtividade de grãos. Situação semelhante foi observada no grupo IV, formado por UFUS 1117-03, o qual apresentou bom número de dias para o

florescimento, nós produtivos, vagens cheias, entretanto esse genótipo não obteve alta produtividade.

Ressalta-se que os genótipos pertencentes aos grupos II e IV foram os que apresentaram ciclo semitardio, o que não é benéfico no controle da ferrugem asiática, pois a cultura permanecerá no campo por mais tempo, favorecendo a infecção do patógeno (SILVA; JULIATTI; SILVA, 2007; SILVA et al., 2015; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010).

A formação desses grupos pelo método UPGMA é útil para a identificação de genitores potenciais, pois novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no seu potencial *per se* (ALMEIDA; PELUZIO, AFFÉRI, 2011). Desse modo, genótipos reunidos em grupos distintos dão indicativos de serem mais dissimilares, podendo ser considerados promissores em hibridações artificiais, porém, além de divergentes, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados (SOUSA, 2011).

Lopes et al. (2014) ao estudarem a diversidade genética entre cultivares de soja quanto ao rendimento de óleo, consideraram a dissimilaridade de aproximadamente 30 % no critério de delimitação de grupos. Souza et al. (2015) por sua vez, obtiveram a formação de oito grupos de genótipos ao realizarem um corte de 43 %, enquanto que Machado et al. (2017), ao estudarem 24 cultivares de soja ao nível de 40 % para a dissimilaridade, obtiveram a formação de quatro grupos distintos.

A aplicação do método de otimização de Tocher, baseada na matriz de Mahalanobis (D^2), separou os genótipos em dois grupos (Tabela 6).

Tabela 6: Agrupamento de otimização entre 14 genótipos de soja, obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Genótipos
I	UFUS 1117-01; UFUS 1117-02; TMG 801; BRS GO 7560; UFUS RIQUEZA; UFUS 7415; UFUS 1117-05; UFUS 1117-11; UFUS 1117-06; UFUS 1117-07; UFUS 1117-08; UFUS 1117-09; UFUS 1117-10.
II	UFUS 1117- 03

O primeiro grupo foi atribuído como o principal por abranger 93% dos genótipos. Verificou-se semelhança na identificação do genótipo UFUS 1117-03, o qual pelas metodologias de UPGMA e Tocher manteve-se em um grupo isolado. Por outro lado, a metodologia de Tocher unificou os demais genótipos em apenas um grupo.

Os resultados desse estudo diferem dos obtidos por Machado et al. (2017) que ao avaliarem a divergência genética em 24 genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, obtiveram a formação de quatro grupos distintos, e aos obtidos por Sousa et al. (2013), que identificaram a formação de 12 grupos ao avaliarem 35 genótipos de soja.

Os agrupamentos pelos métodos UPGMA e Tocher não foram idênticos entre si, corroborando com Oliveira et al. (2017), que ao avaliarem 24 genótipos de soja, constataram que os métodos UPGMA e Tocher estratificaram os genótipos em sete e oito grupos respectivamente.

Ainda nos estudos de dissimilaridade genética, é possível utilizar as variáveis canônicas com o propósito de identificar progenitores similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais. Nesse tipo de estudo, as primeiras variáveis canônicas devem envolver, no mínimo, aproximadamente 80 % da variação total dos progenitores, em que cada variável é uma combinação linear das variáveis originais analisadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 82 % da variância total contida no conjunto das características (Tabela 7). Assim é possível explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos e interpretar o

fenômeno com considerável simplificação, por meio de uma representação gráfica bidimensional (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Tabela 7: Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas.

Variáveis Canônicas	Raíz	Raíz (%)	% Acumulada
1	40,29	71,42	71,42
2	6,47	11,47	82,89
3	3,99	7,08	89,97
4	2,68	4,75	94,72
5	1,28	2,27	96,99
6	0,58	1,03	98,02
7	0,53	0,94	98,96
8	0,31	0,55	99,51
9	0,14	0,26	99,76
10	0,12	0,22	99,98
11	0,01	0,02	100,0
12	0,00	0,00	100,0

A dispersão dos genótipos foi representada graficamente pela análise das variáveis canônicas (Figura 3) a fim de compará-las aos agrupamentos realizados pelos métodos UPGMA e de Tocher e avaliar a influência de cada característica na análise da diversidade genética.

Os genótipos foram agrupados em cinco grupos distintos (Figura 3), nos quais o primeiro grupo foi constituído pelos genótipos UFUS 1117-02, UFUS 7415 e BRSGO 7560; o segundo grupo por UFUS 1117-07, UFUS 1117-10, UFUS 1117- 05, UFUS 1117-01 e TMG 801; terceiro grupo por UFUS 1117-09, UFUS Riqueza, UFUS 1117-11 e UFUS 1117-08; quarto grupo por UFUS 1117-06 e quinto grupo por UFUS 1117-03.

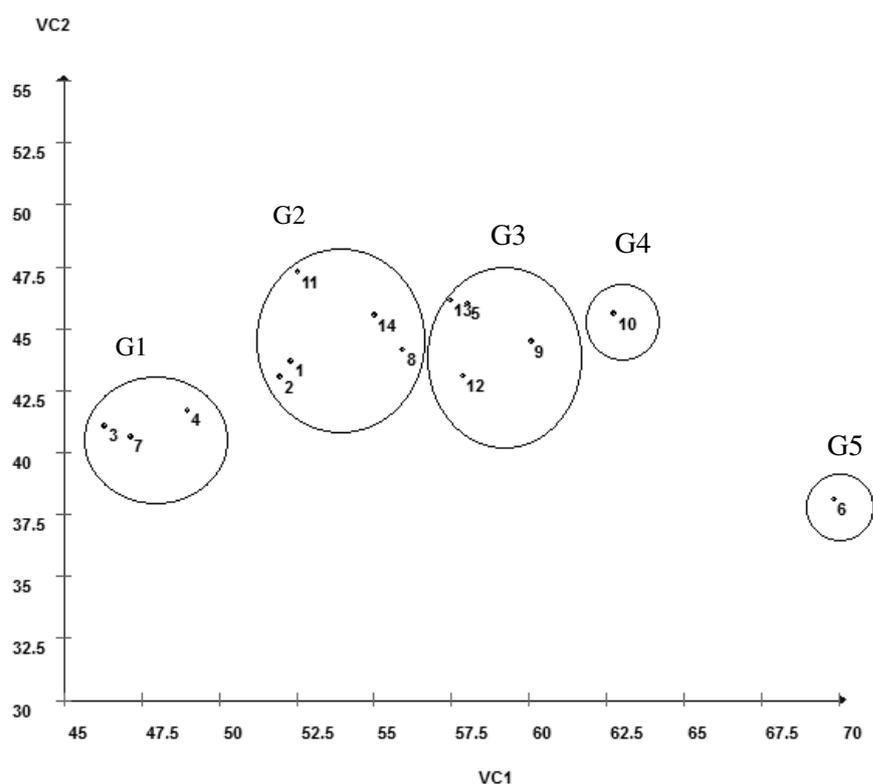


Figura 3: Dispersão gráfica de 14 genótipos de soja, em relação às duas primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de caracteres. VC1: variável canônica 1; VC2: variável canônica 2; VC1+ VC2= 82,89%.

Os resultados estão parcialmente de acordo com os obtidos pelos agrupamentos UPGMA e de Tocher, pois UFUS 1117-06 manteve-se isolado segundo UPGMA e variáveis canônicas e o genótipo UFUS 1117-03 em um grupo isolado em todos os métodos.

Em estudos sobre divergência genética em soja, com base em caracteres agrônômicos, Almeida, Peluzio e Afféri (2011) observaram que os métodos de Tocher, vizinho mais próximo e o da dispersão gráfica das variáveis canônicas foram concordantes entre si.

Machado et al. (2017) ao estudarem 24 genótipos de soja pela metodologia das variáveis canônicas, obteve a formação de sete grupos distintos, concordando parcialmente com os resultados obtidos pelos métodos UPGMA e Tocher.

A contribuição relativa de cada caráter na divergência genética pode ser visualizada na Figura 4, com destaque para APM, NVCo, NDM e AACPD, com estimativas de 24,47%, 18,05%, 16,8% e 14,58% respectivamente, os quais

contribuíram com mais de 70% da divergência. Os demais caracteres apresentaram estimativas de contribuição relativa magnitude, o que demonstra pequena participação na divergência genética.

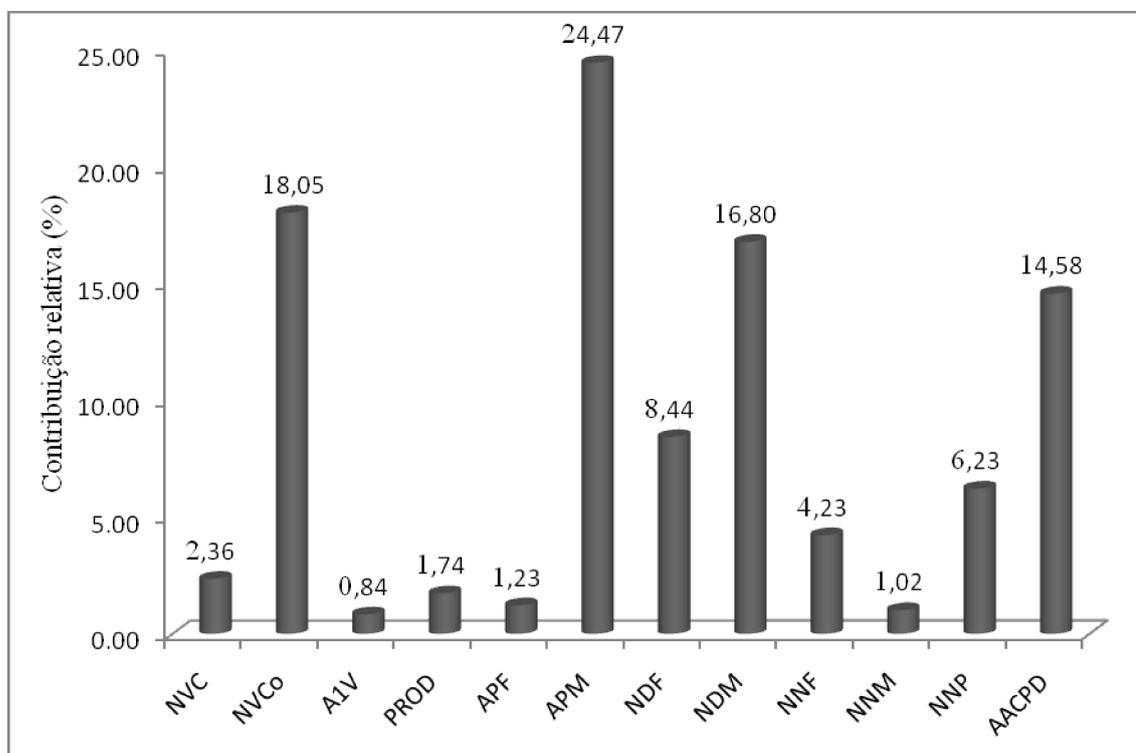


Figura 4: Contribuição relativa dos 12 caracteres avaliados. NVC: número de vagens cheias; NVCo: número de vagens chochas;

A1V: altura de inserção de primeira vagem; PROD: produtividade de grãos; APF: altura de planta no florescimento; APM: altura de planta na maturidade; NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença.

Almeida, Peluzio e Afféri (2011) e Rigon et al (2012) ao avaliarem a divergência genética entre genótipos de soja, observaram que o número de dias para a maturidade contribuiu com 39 e 20%, respectivamente. Entretanto, Sousa et al. (2010) detectaram contribuições inferiores a 3% para NDM.

Oliveira et al. (2017) e Almeida et al. (2013) identificaram os caracteres NDF e NDM como os principais na contribuição da divergência, com estimativas de 45,66%, 19,05% e 13,59 e 39,49%, respectivamente.

O caráter produtividade de grãos apresentou importância de 1,74%, o qual é inferior ao encontrado por Peluzio et al. (2009) que, ao avaliarem a divergência genética entre quatorze cultivares de soja, obtiveram contribuição relativa de 3,74%.

Dessa maneira, a análise de agrupamento de médias e os resultados estabelecidos pelos métodos UPGMA, Tocher e variáveis canônicas permitiram a identificação da diversidade genética, caracterizando os genótipos em grupos ou individualizando-os.

4. CONCLUSÕES

A existência de variabilidade genética para caracteres agronômicos, produtividade de grãos e a área abaixo da curva de progresso da doença permitiram a identificação de genótipos dissimilares e promissores para seleção de linhagens.

Os genótipos UFUS 1117-01, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 apresentaram resistência a *Phakopsora pachyrhizi*.

Os caracteres altura de planta na maturidade, número de vagens chochas, número de dias para a maturidade e área abaixo da curva de progresso da doença foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética.

As linhagens UFUS 1117-03 e UFUS 1117-06 foram as mais divergentes.

Hibridações entre os seguintes pares de genótipos são promissoras para a obtenção de populações segregantes com alta variabilidade genética e resistência à ferrugem asiática UFUS 1117-06 x UFUS 1117-09; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-08; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-01; UFUS 1117-06 x TMG 801; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-10; UFUS 1117-06 x UFUS 1117-07; UFUS 1117-06 x BRSGO 7560.

5. REFERÊNCIAS

- AGRIOS, G. N. **Plant Pathology**. 4th ed. California, Academic Press. 1997.
- ALCÂNTARA NETO, F. et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALMEIDA, F. A. et al.. Desempenho agrônômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista Ciências Agrárias**, Amazônia, v. 56, p. 88-94, 2013.
- ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.
- BALDISSERA, J. N. da C. et al. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BARBOSA, G. F.; CENTURION, M. A. P. C.; FERRAUDO, A. S. Potencial do manejo integrado da ferrugem asiática da soja: severidade da doença, desenvolvimento vegetativo e componentes da produção, cultivar MG/BR-46 (Conquista). **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, p. 76-89, 2014.
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T. Luz, umidade e temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, p. 17- 27. 2009.
- BARROS, J. P. A. et al. Estimates of genetic parameters and efficiency in selection for branching capacity in soybean genotypes. **Journal of Agronomy**, Falsalabad, v. 15, n. 1, p. 39-44, 2016.
- BERGAMIN FILHO, A. Epidemiologia comparativa: ferrugem da soja e outras doenças. In: Zambolin, L. (Org.). **Ferrugem asiática da soja**. Visconde do Rio Branco: Suprema Gráfica e Editora, p.15-35, 2006.
- BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.
- BIZARI, E. H. et al. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Ceará, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.
- BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F. J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.
- CÂMARA, G. M. S. **Soja: tecnologia de produção**. Piracicaba: Publique, 1998. 293p.
- CANTELLI, D. A. V. et al. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, 2016.

- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira:** grãos - safra 2016/17 – décimo segundo levantamento. Companhia Nacional de Abastecimento, v. 4, n. 4, p. 1-158, 2017.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira:** grãos - safra 2017/18 - primeiro levantamento. Companhia Nacional de Abastecimento, v. 5, n. 1, p. 1-114, 2017.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, v. 1, 2012, 514p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética.** Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.
- CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU-Breeding Program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 2, 2013.
- DALL'AGNOL, A. **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições.** Brasília, DF: Embrapa, 2016, 71p.
- DELGADO, Y. V. et al. Performance fenotípica de genótipos de soja para caracteres agronômicos na região de Jaboticabal. **Ciência e Tecnologia:** Fatec-JB, Jaboticabal, v. 8, n.1, 2016.
- EMBRAPA. **BRS GO 7560 Cultivar de soja para o manejo da ferrugem.** Folders. Embrapa Soja, 2009.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. Ames: Iowa State University 12p. (Iowa State University. Special Report 80), 1977.
- FELICI, P. H. N.; **Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional.** 2017. 100p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, 2017.
- FIALLOS, F. R. G. A ferrugem asiática da soja causada por *Phakopsora pachyrhizi* Sydow e Sydow. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 4, n. 2, p. 45-60, 2011.
- GODOY, C. V.; KOGA, L. J.; CANTERI, M. G. Diagrammatic Scale for Assessment of Soybean Rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília v. 30, p. 63-68, 2006.
- HAMAWAKI, O. T. et al. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p.76-83, 2012.
- HAMAWAKI, O.T.; et al. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 1, n. 1, p. 4347, 2010.
- JUNIOR, J. A. F. et al. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.
- LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

- LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Revista Nativa**, Mato Grosso, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.
- LOPES, A. C. de A. et al. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, São Paulo, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.
- LOPES, L. A. et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 5, n. 3, p. 279-285, 2014.
- MACHADO, B. Q. V. et al. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 111, 2017.
- MARCONATO, M.B. et al. Genetic divergence in a soybean (*Glycine max*) diversity panel based on agro-morphological traits. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, p. 2015.
- MATSUO, E.; FERREIRA, S.C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. UFV, Viçosa, p. 27-53, 2015.
- MEGETO, G. A. S. et al. Árvore de decisão par classificação de ocorrências de ferrugem asiática em lavouras comerciais com base em variáveis meteorológicas. **Revista Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v. 34, n. 3, p. 590-599, 2014.
- MIRANDA, Z. F. S. et al. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-396, 2007.
- NAVARRO JÚNIOR, H.; COSTA, J. A. Contribuição relativa dos componentes do rendimento para produção de grãos em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 269-274, 2002.
- NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. **Características da soja**. Embrapa-CNPSO, 2008. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soia/arvore/CONTAGQ1_24_2710200691_31.html>. Acesso em: 15/10/2017.
- NICOLINI, F. et al. Efeito de temperaturas na germinação de uredosporos de *Phakopsora pachyrhizi*. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 35, 2010a.
- NOGUEIRA, A. P. O. et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.
- NOGUEIRA, A. P. O. et al. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 7-16p. 2009.
- OLIVEIRA, M. M. et al. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 1-10, 2017.
- PELUZIO, J. M. et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada e Agrotecnologia**, Cascavel, v. 2, n. 3, p. 21-29, 2009.

- PERINI JÚNIOR, L. et al. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 2531-2544, 2012.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Nobel, 2009, 451p.
- PIRES, L. P. M. et al. Desempenho de genótipos de soja, cultivados na região centro-sul do estado do Tocantins, safra 2009/2010. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 214-223, 2012.
- PRIOLLI, R. H. G. et al. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.
- PRIOLLI, R. H. G. et al. Genetic Diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 53, n. 3, p. 519-531, 2010.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522p, 2012.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1962. 390p.
- RIGON, J. P. G. et al. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.
- ROBINSON, R. A. Disease resistance terminology. Review of Applied Mycology, **Plant Pathology Journal**, Korea, v. 48, p. 593-606, 1969.
- SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. 1. ed. Londrina: Mecenass, 2015. v. 1. 352p.
- SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. 333p.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenass, p. 1-5, 2009.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, p. 553- 603, 2013.
- SHANER, G.; FINEY, R. F. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 67, p. 1051-1056, 1977.
- SHUXIAN, L. I. Identification of New Sources of Resistance to Soybean Rust. In: Gisi, U., L. L. Chet, and M. L. Gullino. (Eds.) **Recent Developments in Management of Plant Diseases**. Springer, Netherlands. p. 357-373. 2010.
- SILVA, V. A. S.; JULIATTI, F. C.; SILVA, L. A. S. Interação entre resistência genética parcial e fungicidas no controle da ferrugem asiática da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, 2007.

- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, p. 237-245, 1981.
- SOARES, R. M.; RUBIN, S. A. L.; WIELEWICKI, A. P.; OZELAME, J. G. Fungicidas no controle da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) e produtividade da soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 1245-1247, 2004.
- SOUSA, L. B. et al. Genetic variability among soybean biparental crosses evaluated by multivariate analysis. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 5, p. 1404 - 1412, 2015.
- TEIXEIRA, F.G. et al. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-17, 2017.
- TMG INSTITUCIONAL. 2017. Disponível em: <http://www.tmg.agr.br/cultivares/soja> Acesso: 20 de nov.2017.
- UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; et al. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.
- VAL, B. H. P. et al. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.
- VASCONCELOS, E. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.
- VIANNA, V. F. et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, África, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.
- WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013.
- YOKOMIZO, G. K.; VELLO, N. A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2223-2228, 2000.
- ZHANG, J. et al. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC genomics**, Inglaterra, v. 16, n. 1, p. 217, 2015.

CAPÍTULO 3: ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE GENÓTIPOS DE SOJA SOB INFECÇÃO NATURAL POR FERRUGEM, SEM FUNGICIDA

Resumo

O melhoramento genético da soja visa a obtenção de genótipos produtivos, entretanto, para a máxima expressão fenotípica, é necessário que os componentes genéticos, ambientais e a interação entre eles sejam compreendidos. A interação genótipos por ambientes é um dos maiores problemas do melhoramento, tanto na seleção quanto na recomendação, pois dificulta a identificação de genótipos superiores, de ampla adaptabilidade e estabilidade. Dessa forma, estudar a interação G x A e analisar os genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade faz se necessário, pois a partir deles será possível recomendar genótipos para regiões específicas. O objetivo deste capítulo foi estudar a interação genótipos por ambientes e em sequência analisar a adaptabilidade e estabilidade produtiva de 14 genótipos de soja sob infecção natural por *Phakopsora pachyrhizi*. O experimento foi conduzido no Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal de Uberlândia, localizado na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia-MG. Quatorze genótipos de soja foram avaliados, sendo 10 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11) e 4 cultivares (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 e BRSGO 7560), em quatro safras: 2013/14, 2014/15, 2015/16 e 2016/17, em delineamento de blocos casualizados. Em cada parcela foi avaliada a produtividade de grãos da área útil. A interação G x A foi significativa e de natureza complexa e o coeficiente de determinação genotípico foi de 85,97% indicando superioridade da variação genética em relação à ambiental. Nas análises de adaptabilidade e estabilidade utilizou-se os métodos de Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), Centroide (Rocha et al., 2005), Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI 1 e AMMI 2). A média de produtividade de grãos foi 2284,13kg ha⁻¹. O genótipo UFUS 1117-01 foi identificado pelas metodologias de Eberhart e Russel (1966), Wricke (1965), AMMI 1, AMMI 2 (1971) e Centroide (2005) como sendo um genótipo de alta estabilidade produtiva. A linhagem UFUS 1117-07 apresentou alta estabilidade pelos métodos Eberhart e Russel, Wricke, Lin e Bins modificado por Carneiro e ampla adaptabilidade por Eberhart e Russel e Centroide. O genótipo UFUS 1117-09 foi identificado como sendo adaptável a ambientes desfavoráveis pelos métodos Lin e Bins, AMMI 1 e Centroide, e UFUS 1117-10 apresentou adaptabilidade a ambiente favoráveis pelos métodos AMMI 1 e Centroide e sua caracterização foi complementada por Eberhart e Russel, o qual identificou o genótipo como de alta estabilidade.

Palavras-chave: interação G x A, recomendação de cultivares, análises biométricas.

CHAPTER 3: ADAPTABILITY AND PRODUCTIVE STABILITY OF SOYBEAN GENOTYPES UNDER NATURAL RUST INFECTION WITHOUT FUNGICIDE

Abstract

The genetic breeding of soybean is intended to obtain productive genotypes, however, for maximum phenotypic expression, it is necessary that the genetic components, environment and the interaction between them is understood. The genotypes-environments interaction is one of the major problems of breeding, both in selection and recommendation, as it makes it difficult to identify superior genotypes, of broad adaptability and stability. Thus, studying the G x A interaction and analyzing the genotypes for adaptability and stability is necessary, since from these it will be possible to recommend genotypes for specific regions. The objective of this chapter was to study the genotypes-environments interaction and, in sequence, analyze the adaptability and productive stability of 14 soybean genotypes under natural rust infection without fungicide. The experiment was conducted in the Genetic Improvement Program of the Federal University of Uberlândia, located at Fazenda Capim Branco, Uberlândia-MG. Fourteen soybean genotypes were evaluated, with 10 lines developed by the UFU Soybean Breeding Program (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 and UFUS 1117-11) and four cultivars (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 and BRSGO 7560) in four crops: 2013/14, 2014/15, 2015/16 and 2016/17, in a randomized complete block design. In each plot the grain yield of the useful area was evaluated. The interaction G x A was significant and complex nature and the coefficient of genotypic determination was 85.97% indicating superiority of genetic variation in relation to environmental. In the analysis of adaptability and stability the methods of Wricke (1965), Eberhart and Russel (1966), Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998), Centroid (Rocha et al., 2005), Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI 1 and AMMI 2). The average grain yield was 2284.13kg ha⁻¹. The genotype UFUS 1117-01 was identified by the methodologies of Eberhart and Russel (1966), Wricke (1965), AMMI 1, AMMI 2 (1971) and Centroid (2005) as being a high productive stability genotype. The UFUS 1117-07 strain showed high stability by Eberhart and Russel, Wricke, Lin and Binns modified by Carneiro methods and wide adaptability by Eberhart and Russel and Centroid. The genotype UFUS 1117-09 was identified as being adaptable to unfavorable environments by the Lin and Binns modified by Carneiro, AMMI 1 and Centroid methods, and UFUS 1117-10 presented favorable environmental adaptability by the AMMI 1 and Centroid methods and their characterization was complemented by Eberhart and Russel, which identified the genotype as having high stability.

Key words: G x A interaction, cultivar recommendation, biometric analysis.

1. INTRODUÇÃO

A soja é cultivada numa grande diversidade de regiões brasileiras, o que expõe a cultura a diversas condições ambientais como tipos de solos, temperaturas, latitudes e disponibilidade hídrica. Dessa forma, ocorrem variações na produtividade de grãos não somente em função da cultivar e das condições ambientais, mas também da interação genótipos por ambientes (SEDIYAMA; BORÉM, 2015).

A interação G x A é de fundamental importância na manifestação fenotípica, pois ela reflete as diferenças de sensibilidade dos genótipos frente às variações ambientais, resultando em mudanças no comportamento dos materiais (RAMALHO et al., 2012), devendo portanto ser estimada e considerada nos programas de melhoramento genético e na indicação de cultivares, pois ela constitui-se em um dos maiores problemas do melhoramento, seja na fase de seleção, seja na recomendação.

A inconsistência da superioridade dos genótipos nos ambientes em razão da interação exige medidas que controlem ou amenizem seus efeitos. Dessa forma, tem sido recomendado o uso de cultivares específicas para cada ambiente ou com ampla adaptabilidade e de alta estabilidade (GARBUGLIO; FERREIRA, 2015). Entende-se por adaptabilidade a capacidade do genótipo em se beneficiar com as variações ambientais, enquanto que a estabilidade reflete a previsibilidade de comportamento.

Para a identificação de genótipos com essas características, são necessários os estudos de adaptabilidade e estabilidade, pois eles permitem inferir sobre as características produtivas dos genótipos de modo a recomendar as cultivares adequadas às diferentes regiões de cultivo, possibilitando ao sojicultor uma maior lucratividade. Assim, estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade é difundida entre os melhoristas para avaliar novos genótipos antes de sua recomendação como cultivar.

Dessa forma é possível a obtenção de cultivares mais produtivas, com características agronômicas desejáveis, consistentemente superiores e responsivas às variações ambientais, sendo esses os principais objetivos de um programa de melhoramento genético de qualquer espécie econômica.

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho produtivo de linhagens e cultivares de soja em quatro safras no município de Uberlândia-MG e determinar a adaptabilidade e estabilidade produtiva de linhagens e cultivares de soja por métodos paramétricos, não paramétricos e multivariados.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nas safras 2013/14, 2014/15, 2015/16 e 2016/17, em área experimental da Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, onde está localizado o Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade. A fazenda está localizada no município de Uberlândia - Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude.

Foram avaliados 14 genótipos de soja, sendo 10 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU (UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-03, UFUS 1117-05, UFUS 1117-06, UFUS 1117-07, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09, UFUS 1117-10 e UFUS 1117-11) e 4 cultivares (UFUS 7415, UFUS Riqueza, TMG 801 e BRSGO 7560), cujas características estão na Tabela 1.

Tabela 1: Características de cultivares de soja originadas de diferentes instituições.

Cultivar	Empresa	Cor da flor	Cor da pubescência	Ciclo (dias)	Região de Adaptação
UFUS Riqueza	Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU	Branca	Marrom	129	GO, MG, MT
UFUS 7415	Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU	Roxa	Marrom	117	GO, MG, MT
TMG 801	Fundação MT e Tropical Melhoramento Genético	Roxa	Marrom	125	MG, MS, GO, PR, RS, SC, SP, Paraguai
BRSGO 7560	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária	Roxa	Marrom	123	MG, SP (norte), DF,GO

Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU; Tropical Melhoramento Genético; EMBRAPA.

Os dados meteorológicos da área experimental durante as quatro safras estão apresentados na Figura 1.

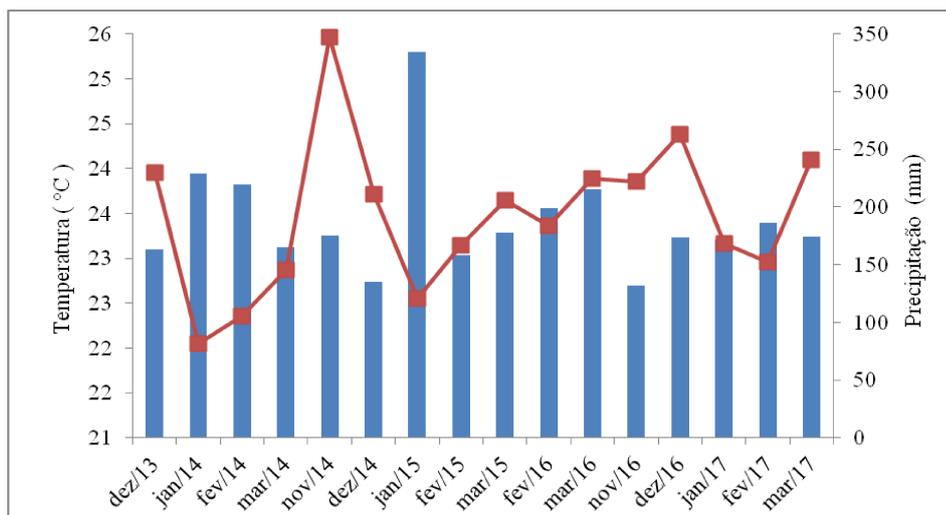


Figura 1: Temperatura média (°C) e precipitação (mm) na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia, safras 2013/14, 2014/15, 2015/16, 2016/17. Fonte: Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de quatro linhas de plantas de soja, de 5,0 m de comprimento com espaçamento entre linhas de 0,5 m, totalizando 10,0 m². A área útil foram as duas linhas centrais de cada parcela, sendo eliminados 0,50 m de cada extremidade, referente à bordadura, totalizando 4,0 m².

O solo da área é classificado como Latossolo Vermelho Escuro distrófico, o qual apresenta cor vermelha acentuada, devido aos altos teores e a natureza dos óxidos de ferro presentes no material originário. É profundo e poroso, apresentando condições adequadas para um bom desenvolvimento radicular.

O preparo do solo foi realizado pelo método de semeadura convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada com o formulado 02-28-18 na dose de 400 kg ha⁻¹. As sementes foram tratadas com o fungicida composto por Carbendazim e Tiram, de ação sistêmica e de contato, para prevenção das doenças Mancha Púrpura, Podridão de Fusarium, Phomopsis e Antracnose. Posteriormente, realizou-se inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*, contendo duas estirpes de bactérias, as quais são capazes de estabelecer uma simbiose com a planta que culmina na formação de nódulos, local onde ocorre a fixação biológica de nitrogênio.

As semeaduras ocorreram nos dias 12 de dezembro de 2013, 29 de novembro de 2014, 12 de fevereiro de 2015 e 5 de novembro de 2016, em uma profundidade de 3 a 5 cm de profundidade. Logo após a semeadura, foi realizada a aplicação dos herbicidas de

princípios ativos S-Metolaclo e Haloxifope-P-Metilico. Realizou-se o desbaste mantendo uma densidade de sementeira de 15 sementes por metro linear. Capinas manuais foram realizadas durante o ciclo para manutenção da cultura limpa.

Trinta dias depois da emergência foi aplicado fertilizante foliar composto por Cobalto e Molibdênio na dose de 100 mL ha⁻¹. O controle de pragas foi realizado com Acefato, na dose de 0,4 kg ha⁻¹ e inseticida composto por Tiametoxam e Lambda-Cialotrina, na dose de 200 mL ha⁻¹.

A produtividade de grãos foi determinada pela colheita da área útil de cada parcela seguida pela pesagem dos grãos após trilha dos feixes de plantas e limpeza. Os dados obtidos, gramas por parcela, foram transformados para kg ha⁻¹, sendo essa produtividade corrigida para teor de umidade de 13%, conforme o estimador:

$$PF = \frac{PI \times (100 - UI)}{(100 - UF)}$$

Em que:

PF: peso corrigido da amostra de grãos;

PI: peso inicial da amostra de grãos;

UI: umidade inicial da amostra de grãos;

UF: umidade final da amostra (13%) de grãos.

Procedeu-se a análise de variância, a qual foi realizada individualmente para os quatro ambientes, conforme modelo matemático abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + B_j + G_i + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter produtividade de grãos no genótipo “i”, na repetição “j”;

μ : média geral do caráter produtividade de grãos;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

ε_{ij} : erro experimental associado ao genótipo “i” no bloco “j”.

Na tabela 2 está representado o esquema da análise variância, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

Tabela 2: Esquema da análise de variância individual com as respectivas fontes de variação, graus de liberdade, quadrados médios, esperanças matemáticas dos quadrados médios e estatística F.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Genótipos	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$	QMG/QME
Blocos	b-1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_b$	QMB/QME
Erro	(g-1)(b-1)	QME	σ^2	
Total	(gb)-1			

gl: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança do quadrado médio.

Após as análises de variâncias individuais, procedeu-se a análise de variância conjunta com 14 genótipos em 4 ambientes, em que os efeitos de genótipos e ambiente foram considerados fixos, segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + B_k/A_j + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação do caráter produtividade de grãos, no genótipo “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”;

B_k/A_j : efeito aleatório do bloco “k” dentro do ambiente “j”;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

A_j : efeito fixo do ambiente “j”;

GA_{ij} : efeito da interação G x A;

ε_{ijk} : erro aleatório associado ao genótipo “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”.

Na tabela 3 está apresentado esquema de análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

Tabela 3: Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas fontes de variação, graus de liberdade, quadrados médios, esperanças matemáticas dos quadrados médios e estatística F.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Ambiente	(b-1)a	Q ₁	$\sigma^2 + g\sigma^2_B$	Q ₁ /Q ₉
Genótipos	g-1	Q ₂	$\sigma^2 + ar\phi_g$	Q ₂ /Q ₅
Ambiente	a-1	Q ₃	$\sigma^2 g\sigma^2_B + gr\phi_a$	Q ₃ /Q ₁
G x A	(g-1)(a-1)	Q ₄	$\sigma^2 + r\phi_{ga}$	Q ₄ /Q ₅
Erro	(g-1)(r-1)a	Q ₅	σ^2	
Total	gra-1			

gl: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança do quadrado médio.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística- Programa Genes (CRUZ, 2016).

Realizou-se estudo da interação G x A, a partir da decomposição em parte complexa entre pares de ambiente, conforme descrito por Cruz e Castoldi (1991). Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:

$$C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 Q_2}$$

Em que:

Q₁ e Q₂: correspondem aos quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2 respectivamente;

r: correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

A precisão experimental foi avaliada pela estimativa da acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007; RAMALHO et al., 2012) e coeficiente de variação (CV%), usando os estimadores:

$$r = \sqrt{1 - \frac{1}{F_c}} \times 100$$

Em que:

r: acurácia expressa em percentagem;

Fc: valor de F calculado.

$$CV = \frac{\sqrt{QME \text{ conjunta}}}{\bar{X}} \times 100$$

Em que:

CV: coeficiente de variação expresso em percentagem;

QME conjunta: quadrado médio do erro da análise conjunta;

\bar{X} : média experimental.

O coeficiente de determinação genotípico foi calculado segundo o estimador:

$$H^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{\frac{QM_{\text{genótipo}}}{r}}$$

$$\hat{\phi}_g = \frac{QM_{\text{genótipo}} - QM_{\text{erro}}}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico, expresso em percentagem;

$\hat{\phi}_g$: variabilidade genética estimada;

QM genótipo: quadrado médio do genótipo;

QM erro: quadrado médio do erro;

r = número de repetições.

Uma vez detectada a interação G x A significativa, procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva pelos métodos de Eberhart e Russel (1966), Wricke (1965), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998), Centroide (ROCHA et al., 2005), AMMI 1 e AMMI 2 (ZOBEL et al., 1988), conforme os seguintes estimadores:

Eberhart e Russel (1966):

$$\hat{\beta} = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$$

$$\hat{\sigma}_{di}^2 = \frac{QMD_i - QMR}{r}$$

Em que:

QMD_i: é o quadrado médio dos desvios do genótipo i;

QMR: é o quadrado médio do resíduo;

r: é o número de repetições.

Wricke (1965):

$$\omega_i = \sum (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2$$

Em que:

Y_{ij}: média do genótipo i no ambiente j;

\bar{Y}_i : média do genótipo i;

\bar{Y}_j : média do ambiente j;

$\bar{Y}_{..}$: média geral.

Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998):

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

Em que:

P_i: é a estimativa do parâmetro de estabilidade do i-ésimo genótipo;

Y_{ij}: é a produtividade do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

M_j: é a resposta máxima observada entre todos os genótipos no j-ésimo ambiente;

n: é o número de ambientes.

Centroide (ROCHA et al., 2005):

$$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y$$

Em que:

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ;

Y : total das observações;

a : número de ambientes;

g : número de genótipos.

AMMI 1 e AMMI 2 (ZOBEL et al., 1988):

$$\bar{Y}_{ij} = \underbrace{\mu + g_i + a_j}_{\text{Parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{c=1}^q \sqrt{\lambda_c} \alpha_{ic} \gamma_{jc}}_{\text{Parte multiplicativa}} + \delta_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : média observada para a variável resposta, do genótipo i no ambiente j ;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i , $i=1,2,3,\dots,g$;

a_j : efeito do ambiente j , $j=1,2,3,\dots,a$;

λ_c : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado à interação $G \times A$;

α_{ic} : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado ao genótipo i ;

γ_{jc} : autovalor do c -ésimo componente principal relacionado ao ambiente j ;

δ_{ij} : resíduo ou ruído não explicado pelos componentes principais;

\bar{e}_{ij} : erro experimental médio.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A identificação e o estudo da interação G x A é uma importante etapa no melhoramento de plantas, com intuito de caracterizar e selecionar as linhagens promissoras. Para tanto, faz-se necessária a realização de análise de variância conjunta, cujo pré-requisito é a existência de homogeneidade das variâncias residuais, conforme foi constatado neste estudo, pois a razão entre o maior e menor quadrado médio residual foi de 4,81 (Tabela 4), inferior a sete que é o valor limite (RAMALHO et al., 2012).

Pela análise de variância conjunta verificou-se a significância pelo teste F ($P < 0,01$), para os efeitos de genótipos, ambientes e interação G x A (Tabela 4). A interação G x A significativa evidencia mudanças nos comportamentos dos genótipos quando submetidos a diferenças ambientais, ela é frequentemente reportada em diferentes culturas autógamas (RAMALHO et al., 2012) como a soja, e seu surgimento deve-se às diferentes respostas do mesmo conjunto gênico em ambientes distintos (COCKERHAM, 1963).

Tabela 4: Resumo da análise de variância conjunta para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) avaliada em 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Fontes de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio
Blocos/Ambiente	8	646959,64
Genótipos (G)	13	1681942,95**
Ambientes (A)	3	10964484,27**
Interação G x A	39	513957,88**
Erro	104	235944,99
Média		2284,13
CV (%)		21,26
H ²		85,97
Acurácia (%)		92,72
Relação >QME/<QME		4,81

** : significativo a 1% pelo teste F. CV(%): coeficiente de variação, H²: coeficiente de determinação genotípico.

Ocorreu contraste entre os anos em que os experimentos foram conduzidos, e de acordo com Rocha e Vello (1999), a existência de contraste é de importância fundamental para a existência da interação. Barros et al. (2012), Cavalcanti et al. (2014), Batista et al. (2015), Soares et al. (2015), Teixeira Júnior et al. (2015), Romanato et al. (2016), Sousa et al. (2016), também relataram a ocorrência significativa de interação G x A para produtividade de grãos.

A estimativa da acurácia reflete a precisão com que o experimento foi conduzido (RESENDE; DUARTE, 2007; RAMALHO et al., 2012). No contexto da avaliação genotípica, o parâmetro estatístico mais importante é a acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}), pois esse parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (HENDERSON, 1984). Porém apesar da acurácia ser um índice muito informativo e completo para avaliação da precisão experimental, ela leva em consideração somente a estatística F, dessa forma, desconsidera a média do experimento, causando confundimento à interpretação da precisão.

Portanto a análise da precisão deve ser feita com parâmetros de acurácia associado ao coeficiente de variação (CV), o qual leva em consideração a média experimental. O coeficiente de variação tem sido recomendado e utilizado (BARBOSA, 2013; SOUSA, et al., 2015; CASTRO, et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017; MACHADO et al., 2017), e ele deve ser mantido em níveis adequados para cada espécie cultivada e caráter sob avaliação.

Na Tabela 4, foi possível verificar os valores para acurácia de 92,72% e coeficiente de variação de 21,26%. Estimativas de acurácia acima de 70% são consideradas de grande importância (RESENDE; DUARTE, 2007) e em relação ao coeficiente de variação, ele pode ser usado em programas de melhoramento para avaliar a qualidade experimental dos ensaios, nos quais um conjunto de características é medido para auxiliar o melhorista na descrição e indicação de novas cultivares (CARVALHO et al., 2003).

Embora para alguns autores o limite aceitável de coeficiente de variação para produtividade de grãos seja 16% (CARVALHO et al., 2003), vários pesquisadores ao avaliarem este caráter em cultivares e/ou linhagens de soja cultivadas em diversos ambientes, obtiveram o coeficiente superior a 20% (MENDONÇA et al., 2007; PELÚZIO et al., 2008; TEIXEIRA et al., 2017). O CV de 21,26% é aceitável, visto que a produtividade é uma característica quantitativa e altamente influenciada pelo ambiente (LEITE et al., 2015). Bárbaro et al. (2007) reportou CV variando entre 21,41 e 47,34% quando avaliou produtividade em gerações F4 e F5 em sete populações de soja por dois anos consecutivos. Existem também relatos de CV de 23,65% para produtividade de grãos de 37 genótipos de soja em Uberlândia-MG (TEIXEIRA et al., 2017) e de 29,76% para linhagens e cultivares de soja no mesmo local (MACHADO et al., 2017).

A herdabilidade é um parâmetro genético de grande importância para o melhoramento, entretanto em gerações avançadas, em que os genótipos apresentam elevada homozigose, ela passa a ser chamada de coeficiente de determinação genotípico (VASCONCELOS et al., 2012; YOKOMIZO; VELLO, 2000). O coeficiente de determinação genotípico, representado por H^2 , é um dos principais parâmetros genéticos do melhoramento, pois fornece informações sobre a proporção da variabilidade fenotípica que é atribuída às causas genéticas (RAMALHO et al., 2012), desse modo, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico.

A estimativa de H^2 para o caráter da produtividade foi de 85,97% (Tabela 4), sendo de elevada magnitude (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), indicando que a variação genética foi superior à ambiental. Esse resultado é próximo ao encontrado por Leite et al. (2015) ao analisarem 28 genótipos de soja tardia no sul do Piauí, encontraram uma estimativa de 81,77% e superior ao encontrado por Soares et al. (2015) que obtiveram 78,72% ao avaliarem 38 cultivares de soja em Minas Gerais, em duas safras, e ao encontrado por Yokomizo e Vello (2000), 57,57%, para o mesmo caráter.

Visando uma análise mais detalhada, realizou-se o estudo da natureza da interação G x A pela estimativa da parte complexa pelo método de Cruz e Castoldi (1991). Conforme dados apresentados na Tabela 5, foi possível notar que na decomposição da parte complexa do quadrado médio, a interação G x A classificou-se como complexa em todos os pares de ambientes, isso porque na decomposição as estimativas da parte complexa foram superiores a 50%, ao passo que estimativas inferiores a 50% denotam predominância da interação do tipo simples. Classificação semelhante da interação G x A foi encontrada em outros estudos com soja (SOUSA et al., 2015; SOARES et al., 2017).

Tabela 5: Decomposição da parte complexa de quadrado médio da interação G x A (%) pelo método de Cruz e Castoldi (1991) e classificação da interação em simples ou complexa na análise de 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Pares de ambientes	Parte Complexa (%)	Classificação da interação G x A
Safra 2013/14 x Safra 2014/15	79,50	Complexa
Safra 2013/14 x Safra 2016/17	75,76	Complexa
Safra 2014/15 x Safra 2016/17	53,11	Complexa
Safra 2013/14 x Safra 2015/16	56,86	Complexa
Safra 2014/15 x Safra 2015/16	81,50	Complexa
Safra 2015/16 x Safra 2016/17	77,38	Complexa

A interação G x A do tipo complexa denota inconsistência na superioridade do genótipo com a variação ambiental, o que dificulta o processo do melhoramento na indicação dos materiais (PELÚZIO et al., 2008; BORÉM; MIRANDA, 2013), pois não se pode, nessas circunstâncias, fazer uma recomendação uniforme para todos os locais sem prejuízo considerável na produção obtida, relativamente a produção possível, além disso a interação complexa está associada à falta de correlação genética entre os genótipos (BORÉM; MIRANDA, 2013). A interação complexa para a produtividade de grãos e outras características relacionadas também foi observada em outros estudos (GLASENAPP et al., 2015) assim como Barros et al. (2008), ao avaliarem 30 genótipos de soja em seis ambientes no Mato Grosso.

Além da classificação da interação, foi possível identificar os ambientes em favoráveis e desfavoráveis através do índice ambiental de Finlay e Wilkinson (1963), que é definido como a diferença entre a média dos genótipos avaliados em cada local e a média geral. Os ambientes favoráveis são aqueles que possuem índices positivos, enquanto que os desfavoráveis são os negativos (Tabela 6). Locais favoráveis são aqueles em que a influência dos fatores abióticos e bióticos não foi capaz de reduzir drasticamente a produtividade quando comparado com os ambientes desfavoráveis.

Tabela 6: Índice ambiental e classificação do ambiente na análise de 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Safras	Média	Índice (Ij)	Máximo	Mínimo	Classe
2013/14	2746,57	462,44	3645,60	1820,00	Favorável
2014/15	1617,75	-666,37	2088,94	1077,04	Desfavorável
2015/16	2614,65	330,52	3628,53	1853,33	Favorável
2016/17	2157,54	-126,59	3468,56	1040,67	Desfavorável

Índice ambiente obtido pelo método de Finlay e Wilkinson (1963).

Em relação à produtividade de grãos nas quatro safras (2013/14, 2014/15, 2015/16 e 2016/17), foi possível observar que as médias foram de 2746,57, 1617,75, 2614,65 e 2157,54 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 7). Na análise estatística das produtividades, teve-se a formação de dois grupos, tanto no quesito comparação dentro de um mesmo ambiente, quanto comparação entre ambientes dentro de um mesmo genótipo.

Na safra 2013/14, as médias oscilaram de 1820 kg ha⁻¹ para UFUS 1117-02, a 3645,6 kg ha⁻¹ para TMG 801 (Tabela 7). Formou-se um grupo com 5 genótipos, os quais tiveram maiores produtividades, sendo 3 deles provenientes do Programa de Melhoramento Genético da UFU: UFUS 7415, UFUS 1117-05 e UFUS 1117-07. Esses genótipos obtiveram produtividade acima da média nacional (safra 2013/14), que foi de 2854 kg ha⁻¹ (CONAB, 2017).

Na Tabela 7 foi possível observar que em relação à safra 2014/15, as médias oscilaram de 1126,42 kg ha⁻¹ para UFUS Riqueza, a 2088,943 kg ha⁻¹ para UFUS 1117-08. Dentro do grupo dos genótipos mais produtivos, destaca-se a cultivar UFUS 7415, que também foi identificada na safra anterior, entretanto, todos os genótipos tiveram médias inferiores à produtividade média nacional da respectiva safra (2998 kg ha⁻¹) (CONAB, 2017).

Quanto à safra 2015/16, as médias variaram de 1853,33 kg ha⁻¹ para UFUS 1117-02, a 3628,53 kg ha⁻¹ para TMG 801 (Tabela 7). Três genótipos do programa tiveram destaque, foram eles: UFUS: 1117-05, 1117-07 e 1117-10, os quais obtiveram produtividade acima da média nacional, que foi de 2870 kg ha⁻¹ (CONAB, 2017). Ao comparar a primeira e a terceira safra, percebe-se que os genótipos UFUS 1117-05, UFUS 1117-07 e UFUS 1117-10 mantiveram-se como um dos mais produtivos.

Tabela 7: Médias de produtividade de grãos de soja, em kg ha⁻¹ nas quatro safras avaliadas, em 14 genótipos de soja, em Uberlândia-MG.

Genótipos	2013/14	2014/15	2015/16	2016/17	Média
UFUS 1117-01	2733,07 Ab	1908,01 Aa	2694,13 Ab	2283,12 Aa	2404,58
TMG 801	3645,60 Aa	1972,72 Aa	3628,53 Aa	2805,11 Ba	3012,99
UFUS 1117-02	1820,00 Ab	1224,57 Ab	1853,33 Ab	1638,52 Ab	1634,11
BRSO 7560	3238,40 Aa	2020,31 Ba	3238,40 Aa	3468,56 Aa	2991,42
UFUS RIQUEZA	2692,27 Ab	1126,42 Bb	2487,20 Ab	2200,95 Aa	2126,71
UFUS 1117-03	2561,87 Ab	1806,23 Ba	2561,87 Ab	1392,39 Bb	2080,59
UFUS 7415	3480,00 Aa	1748,28 Ba	2076,80 Bb	2385,66 Ba	2422,69
UFUS 1117-05	2972,53 Aa	1436,11 Bb	2942,67 Aa	1378,72 Bb	2182,51
UFUS 1117-06	2425,07 Ab	1278,82 Bb	2144,27 Ab	2656,74 Aa	2126,22
UFUS 1117-07	2932,27 Aa	1328,43 Bb	2932,27 Aa	2368,32 Aa	2390,32
UFUS 1117-08	2558,40 Ab	2088,94 Aa	2558,40 Ab	2523,92 Aa	2432,42
UFUS 1117-09	2052,27 Ab	2016,06 Aa	2228,80 Ab	2599,65 Aa	2224,19
UFUS 1117-10	2662,93 Ab	1077,04 Bb	2881,07 Aa	2283,12 Bb	2021,06
UFUS 1117-11	2677,33 Ab	1616,60 Ba	2377,33 Ab	1040,67 Bb	1927,98
Média	2746,57	1617,75	2614,65	2157,54	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal e minúscula na vertical pertencem ao mesmo grupo estatístico, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Por fim, na safra 2016/17, as médias situaram-se dentro do intervalo de 1378,72 kg ha⁻¹ para UFUS 1117-05, a 3468,56 kg ha⁻¹ para BRSO 7560 (Tabela 7). Esse período foi desfavorável para a cultivar TMG 801, que em todas as épocas anteriores foi identificada como um dos genótipos mais produtivos. No geral, esse ambiente foi o que apresentou o maior número de genótipos classificados no grupo de mais produtivo, entretanto, apenas a cultivar BRSO 7560 teve produtividade de grãos superior à média nacional da respectiva safra, 3362 kg ha⁻¹ (CONAB, 2017).

Foi possível observar que a safra 2014/15 apresentou-se como o ambiente com o maior número de genótipos com baixa produtividade, com exceção de UFUS 1117-01, TMG 801, UFUS 1117-02, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-09 (Tabela 7). Além disso, o genótipo UFUS 7415 apresentou baixas produtividades nas três última safras, enquanto que UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-09 tiveram altas produtividades em todas as safras (Tabela 7).

Devido à significância da interação G x A e classificação complexa, a identificação de genótipos superiores é dificultada, e por esta razão, justifica-se a realização das análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica a fim de atenuar os efeitos da interação sobre a recomendação de cultivares (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Vários métodos estatísticos têm sido propostos para estudos de

adaptabilidade e estabilidade, os quais diferem nos princípios estatísticos e facilidade de interpretação.

A metodologia de Eberhart e Russel (1966), que é um dos métodos mais utilizados para estudar a adaptabilidade e estabilidade em soja, é baseada em uma regressão linear obtida entre a variável produtividade e o índice ambiental. Uma adequada interpretação quanto à adaptabilidade e estabilidade é obtida quando o coeficiente de determinação R^2 é superior a 70% (EBERHART; RUSSEL 1966; CAVALCANTE et al., 2014). De acordo com a Tabela 8, foi possível inferir adequadamente sobre todos os genótipos, com exceção de: BRSGO 7560, UFUS 1117-03, UFUS 7415, UFUS 1117-11, UFUS 1117-06 e UFUS 1117-09, pois apresentaram R^2 variando de 0,01% a 60,49%.

Tabela 8: Produtividade de grãos e parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart e Russel (1966) e Wricke (1965), em 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Genótipos	Produtividade kg ha ⁻¹	Eberhart e Russel (1966)			Wricke (1965)
		β_1	$\hat{\sigma}_{di}^2$	R^2	ω_i %
UFUS 1117-01	2404,58	0,76 ^{ns}	-77282.52 ^{ns}	99,40	0,73
TMG 801	3012,99	1,55 ^{ns}	-69682.66 ^{ns}	99,06	3,84
UFUS 1117-02	1634,11	0,55 ^{ns}	-71937.75 ^{ns}	94,64	2,57
BRSGO 7560	2991,42	0,99 ^{ns}	176728.89*	60,49	7,64
UFUS RIQUEZA	2126,71	1,33 ^{ns}	-38376.12 ^{ns}	94,47	2,44
UFUS 1117-03	2080,59	0,83 ^{ns}	156378.54 ^{ns}	53,56	7,36
UFUS 7415	2422,69	1,06 ^{ns}	329768.54**	51,77	12,26
UFUS 1117-05	2182,51	1,55 ^{ns}	180357.48*	78,46	11,32
UFUS 1117-06	2126,22	0,82 ^{ns}	203054.93*	48,27	8,81
UFUS 1117-07	2390,32	1,46 ^{ns}	-50803.11 ^{ns}	96,75	3,26
UFUS 1117-08	2432,42	0,41 ^{ns}	-63838.15 ^{ns}	81,26	4,59
UFUS 1117-09	2224,19	0,02 ⁺⁺	28172.43 ^{ns}	0,10	14,53
UFUS 1117-10	2021,06	1,64 ⁺	51097.09 ^{ns}	88,98	8,62
UFUS 1117-11	1927,98	1,04 ^{ns}	321286.37**	51,46	11,99

ω_i %: parâmetro de estabilidade de Wricke (1965); β_1 : parâmetro de adaptabilidade, $\hat{\sigma}_{di}^2$: parâmetro de estabilidade e R^2 coeficiente de determinação de Eberhart e Russel (1966); ns: não significativo, * e ** significativo a 5% e 1% respectivamente pelo teste F; + e ++ significativo a 5% e 1% respectivamente pelo teste t.

Na interpretação dos resultados elaboram-se duas hipóteses estatísticas: $H_0: \beta_i = 1$ e $H_1: \beta_i \neq 1$, a qual informa sobre a adaptabilidade, em que $\beta_{ii} = 1$ remete a genótipos com ampla adaptabilidade, $\beta_{ii} > 1$, adaptabilidade a ambientes favoráveis e $\beta_{ii} < 1$ adaptabilidade a ambientes desfavoráveis. A segunda hipótese refere-se à

estabilidade: $H_0: \hat{\sigma}_{di}^2 = 0$ (alta estabilidade) e $H_1: \hat{\sigma}_{di}^2 \neq 0$ (baixa estabilidade). Para Eberhart e Russel (1966) genótipo ideal é aquele que apresenta alta produtividade, coeficiente de regressão (R^2) igual à unidade, desvios de regressão não significativos ($\hat{\sigma}_{di}^2$) e β_i não significativo (ampla adaptação). Por esse aspecto, os genótipos ideais foram TMG 801, UFUS 1117-01, UFUS 1117-07 e UFUS 1117-08 (Tabela 8), pois apresentaram produtividade acima da média, 2284,13 kg ha⁻¹ (Tabela 4), foram capazes de responder satisfatoriamente à melhoria do ambiente e apresentaram elevada capacidade produtiva em ambientes favoráveis e desfavoráveis (CARVALHO et al., 2013). Cavalcante et al. (2013) também identificaram os genótipos de soja UFU-1, UFU- 3, UFU-6, UFU-7, UFU-11, UFU-12, UFU-13, UFU-14, UFU-15, UFU-20, UFU-25 e a cultivar UFUS Impacta também como sendo ideais, devido aos desvios não significativos de β_i e $\hat{\sigma}_{di}^2$, altas produtividades e valores de R^2 .

Apesar da cultivar UFUS Riqueza e da linhagem UFUS 1117-02 caracterizarem-se como adaptação ampla e alta estabilidade, elas não apresentaram altas produtividades (Tabela 8). Essa informação corrobora com o obtido por Marques et al. (2010), que também identificaram a cultivar UFUS Riqueza, pelo mesmo método, como sendo de adaptação ampla e alta estabilidade. Já os genótipos UFUS 7415, UFUS 1117-5, UFUS 1117-06 e UFUS 1117-11 foram identificados como de ampla adaptação, porém baixa estabilidade, enquanto que UFUS 1117-09, de adaptação a ambientes desfavoráveis e alta estabilidade (Tabela 8).

A linhagem UFUS 1117-10 foi identificada como sendo adaptável a condições ambientais favoráveis e alta estabilidade (Tabela 8). Genótipos de soja de adaptação a ambientes favoráveis e de alta estabilidade também foram identificados em outros estudos (CARVALHO et al., 2013). Em estudos com 29 genótipos de soja no estado do Mato Grosso, foram identificadas três linhagens de adaptação a ambientes favoráveis, no entanto, apenas uma foi de alta estabilidade (BARROS et al., 2010).

Ainda na Tabela 8, a metodologia de Wricke (1965), baseado na análise de variância, utiliza o parâmetro da ecovalência para inferir sobre as características de estabilidade. Desta forma, o genótipo mais estável é aquele com menor valor ω_i , indicando menor contribuição para a interação G x A, portanto, os genótipos UFUS 1117- 01, TMG 801, UFUS 1117-02, Riqueza e UFUS 1117-07 foram estáveis, sendo UFUS 1117- 01 o genótipo de maior estabilidade, visto que seu parâmetro ω_i foi inferior a unidade.

Dos genótipos analisados, 57% apresentaram baixa estabilidade por terem altos valores de ω_i , configurando expressiva contribuição para a interação G x A. Destes genótipos, a linhagem UFUS 1117-09 foi a que apresentou maior contribuição, com um valor de $\omega_i= 14,53\%$ seguida por UFUS 7415, com $\omega_i= 12,26\%$, enquanto que UFUS 1117-05 e UFUS 1117-11 obtiveram praticamente o mesmo nível de estabilidade: ω_i de 11,32% e 11,99% respectivamente. A metodologia de Wricke deve ser associada a Lin e Binns a fim de se aumentar a segurança na recomendação de cultivares com alto rendimento de grãos e que estejam estáveis (FRANCESHCI et al., 2010).

A análise pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) fornece informações sobre a adaptabilidade e estabilidade do genótipo pelo parâmetro P_i . A recomendação geral é feita com base no P_i original de Lin e Binns (1988), dessa forma, de acordo com a Tabela 9, os três genótipos que apresentaram menores valores de P_i , e portanto maior estabilidade foram: BRSGO 7560, TMG 801, UFUS 1117-07.

A modificação por Carneiro (1998) estratificou melhor a identificação dos genótipos recomendados para as condições favoráveis e desfavoráveis. Oliveira et al. (2006) recomendam a utilização do método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). As cultivares BRSGO 7560 e TMG 801 apresentaram também os menores valores de P_i tanto para ambientes favoráveis quanto desfavoráveis, sendo que a melhor indicação para condições favoráveis seria a TMG 801, enquanto que condições desfavoráveis, o melhor seria a BRSGO 7560.

Tabela 9: Produtividade de grãos e parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) em 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Genótipos	Produtividade kg ha ⁻¹	Pi geral	Pi favorável	Pi desfavorável
UFUS 1117-01	2404,58	392976,34	426455,11	359497,57
TMG 801	3012,99	56709,22	0,00	113418,44
UFUS 1117-02	1634,11	1322539,21	1621037,60	1024040,82
BRS GO 7560	2991,42	40340,80	79503,96	1177,63
UFUS RIQUEZA	2126,71	593094,70	552871,55	633317,85
UFUS 1117-03	2080,59	837833,05	578063,93	1097602,17
UFUS 7415	2422,69	465502,05	608824,92	322179,17
UFUS 1117-05	2182,51	714631,26	230857,95	1198404,56
UFUS 1117-06	2126,22	626011,23	923187,29	328835,18
UFUS 1117-07	2390,32	347816,62	248407,93	447225,31
UFUS 1117-08	2432,42	402440,95	581797,30	223084,61
UFUS 1117-09	2224,19	657285,08	1124491,13	190079,02
UFUS 1117-10	2021,06	821223,85	381085,05	1261362,64
UFUS 1117-11	1927,98	1077597,96	625760,44	1529435,47

Silva e Duarte (2006), trabalhando com soja, afirmaram que o método de Lin e Binns modificado por Carneiro (1988) deve ser utilizado em combinação com o de Eberhart e Russel (1966), assim como a utilização conjunta dos métodos de Eberhart e Russell (1966) e AMMI. Entretanto, outros autores acreditam que o método Lin e Bins modificado por Carneiro é o que melhor discrimina cultivares, em comparação com os métodos de Wricke (1965), Eberhart e Russel (1966) e Cruz et al. (1989) (FRANCESCHI et al., 2010).

A linhagem UFUS 1117-05 foi adaptada a condições favoráveis, enquanto que UFUS 1117-09 para condições desfavoráveis (Tabela 9), a qual também foi identificada pela metodologia de Eberhart e Russel (Tabela 8) como sendo adaptável a condições desfavoráveis. UFUS 1117-09 e UFUS 1117-02 apresentaram Pi favorável de 1124491,13 e 1621037,6 respectivamente, os maiores encontrados.

Silva et al. (2008), analisando metodologias de adaptabilidade e estabilidade, baseadas em análise de regressão, análise de variância e não paramétrica, concluíram que as melhores metodologias eram as baseadas em Lin e Binns modificado por Carneiro e em Annicchiarico (1992) que englobam em um único parâmetro os conceitos de adaptação, adaptabilidade e estabilidade, facilitando a interpretação dos resultados.

A avaliação da interação G x A, por meio da análise de efeitos principais aditivos e interações multiplicativas (AMMI) vem sendo aplicada com sucesso a diversas

culturas (PEREIRA et al., 1998; OLIVEIRA et al., 2003; MELO et al., 2007; ARCINIEGAS-ALARCÓN; DIAS, 2009; MARJANOVIĆ-JEROMELA et al., 2011; SOUSA et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2015). Ela tem como vantagem o descarte da porção do ruído da interação, o qual não é atribuído nem ao genótipo nem ao ambiente, o que melhora a capacidade preditiva do modelo, trazendo benefícios diretos à seleção de genótipos (ZOBEL et al., 1988)

Pelo método AMMI, a soma de quadrados da interação ($SQ_{G \times A}$) foi decomposta em três eixos de componentes principais, sendo todos significativos (Tabela 10). Nessa mesma tabela, observou-se que os dois primeiros componentes principais na análise AMMI explicaram 84,96% da interação G x A, valor acima do limite de 70%, o qual é sugerido para a análise AMMI para que se tenha um bom ajuste do modelo e maior acurácia nas predições (RAMALHO et al., 2012). Valores acima de 70% para os dois primeiros componentes também foram encontrados por outros autores (MEOTTI et al., 2012; SOUZA et al., 2016), entretanto, existem relatos do uso dos três primeiros componentes para obter a estimativa acima de 70% (SOUSA et al., 2015).

Tabela 10: Proporção da $SQ_{G \times A}$ para cada eixo principal da análise AMMI, para 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Componente Principal	Explicação (%)	Explicação Acumulada (%)
CP1**	58,93	58,93
CP2**	26,03	84,97
CP3**	15,03	100,00

**significativo pelo teste F a 1% de significância. Componente principal= eixo principal.

Na interpretação do modelo AMMI1, a abscissa representa os efeitos principais (médias de genótipos), e a ordenada representa o primeiro eixo de interação. Assim, a estabilidade é avaliada a partir dos pontos plotados que representam os genótipos, sendo os mais estáveis àqueles que estiverem posicionados próximos à origem, deste modo, os materiais mais estáveis foram (Figura 3): UFUS 7415, UFUS 1117-01 e UFUS 1117-07. Pela metodologia de Eberhart e Russel, o genótipo UFUS 1117-01 também foi altamente estável.

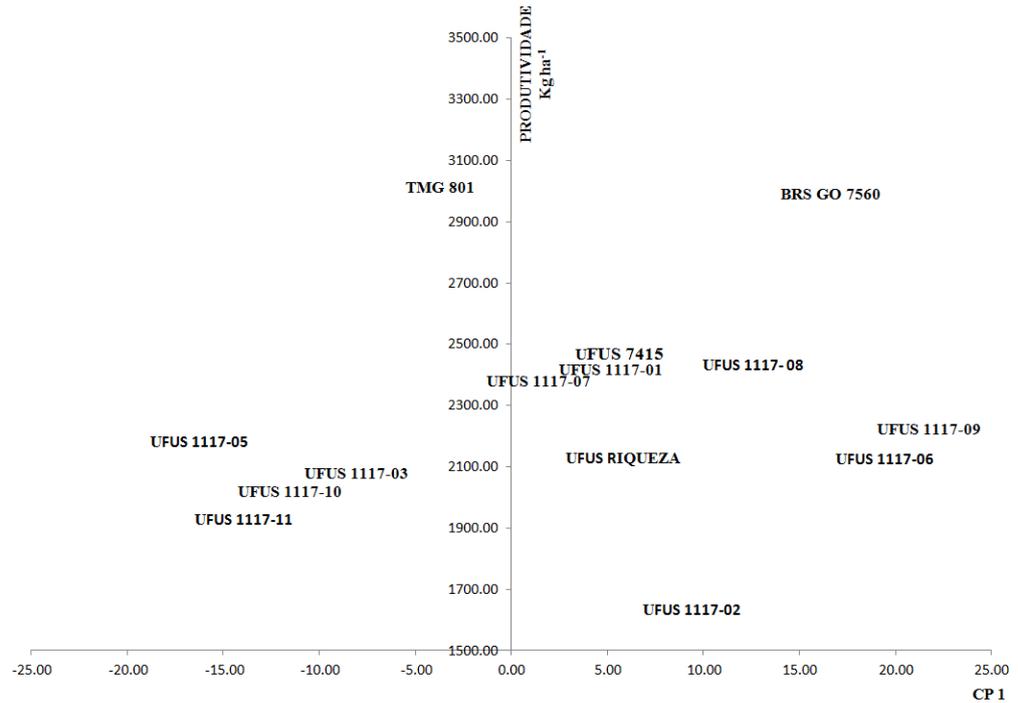


Figura 2: Plotagem dos escores do primeiro componente principal, segundo o modelo AMMI 1 para o caráter produtividade de grãos em kg ha^{-1} , para 14 genótipos de soja cultivados em quatro ambientes, em Uberlândia -MG. CP1: 58,93%.

Na sequência, para a interpretação da estabilidade pelo método AMMI 2 (Figura 4), deve-se observar a distância dos pontos representativos dos genótipos e ambiente ao escore zero dos dois componentes principais (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Desse modo, os genótipos UFUS 1117-01, UFUS 7415 e UFUS 1117-05 apresentaram maior estabilidade, enquanto que BRSGO 7560, UFUS 1117-04, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-05 menor, ou seja, foram os que mais contribuíram para a interação G x A.

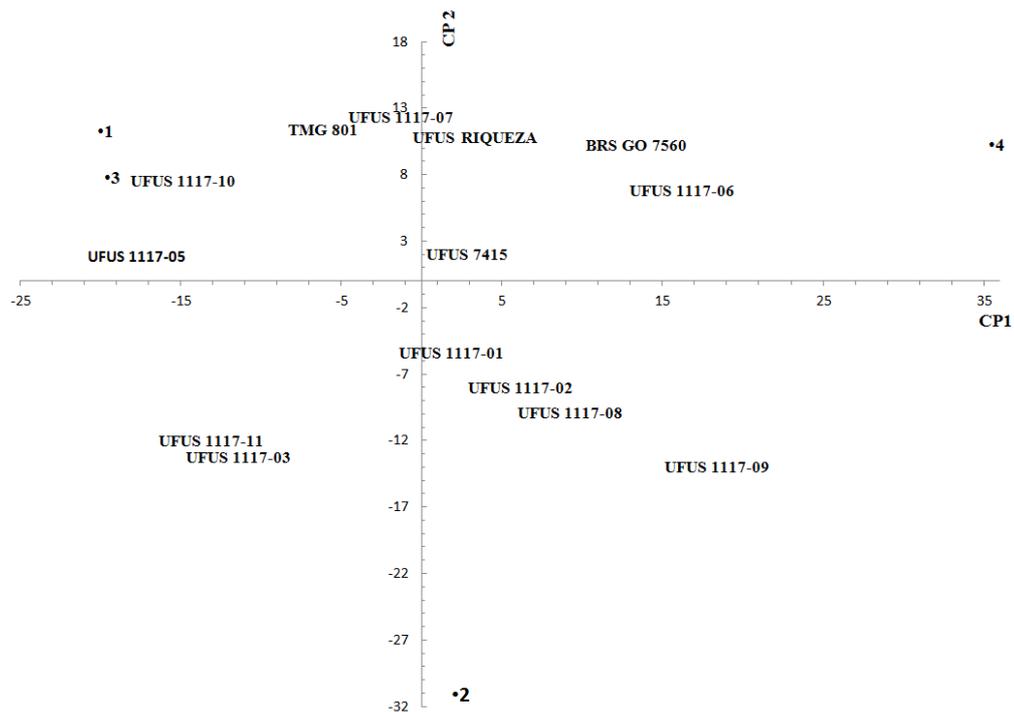


Figura 3: Plotagem dos escores dos dois primeiros componentes principais, segundo o modelo AMMI 2 para o caráter produtividade de grãos em kg ha^{-1} , para 14 genótipos de soja cultivados em quatro ambientes, em Uberlândia - MG. CP1: 58,93% e CP2: 84,97%.

Gonçalves, Mauro e Cargnelutti- Filho (2007) estudando 29 genótipos de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos, em diferentes épocas de semeadura, concluíram que os genótipos mais instáveis foram os mais produtivos, entretanto um dos principais objetivos do melhoramento é selecionar genótipos produtivos associados a alta estabilidade. Neste contexto, todos os genótipos identificados como estáveis tiveram produtividade acima da média.

A adaptabilidade é interpretada observando-se os sinais dos escores para populações e ambientes, visto que populações e locais dos escores de mesmo sinal interagem positivamente (DUARTE; VENCOVSKY, 1999), indicando em qual local a população deve ser preferida. De acordo com a Tabela 6, os ambientes 1 e 3 foram classificados como sendo favoráveis, enquanto que 2 e 4 desfavoráveis, dessa forma, os genótipos mais adaptados para os ambientes 1 e 3 foram: TMG 801, UFUS 1117-05, UFUS 1117-07 e UFUS 1117-10; para o ambiente 2 foram: UFUS 1117-01, UFUS 1117-02, UFUS 1117-08, UFUS 1117-09 e para o ambiente 4: BRSGO 7560, UFUS Riqueza, UFUS 7415, UFUS 1117-06, porém os genótipos UFUS 1117-03 e UFUS

1117-11 não apresentaram adaptabilidade para nenhum dos ambientes testados (Figura 3).

Melo et al. (2007), trabalhando com feijoeiro comum, afirmam que os métodos de Lin & Binns (1988), Eberhart e Russel (1966) e AMMI fornecem informações complementares. A utilização conjunta dos métodos de Lin e Binns (1988) e AMMI para estudo de estabilidade fenotípica em algodão é recomendada (SILVA FILHO et al., 2008).

A análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método Centroides diferencia-se por considerar genótipos de máxima adaptação específica como aqueles genótipos com valores máximos para certos grupos de ambientes (favoráveis ou desfavoráveis) e mínimo para outro grupo, e não aquele que apresenta bons desempenhos nos grupos de ambientes favoráveis ou desfavoráveis (ROCHA et al., 2005).

Precedendo a análise gráfica de dispersão dos genótipos pelo método Centroides (ROCHA et al., 2005) foram obtidos os autovalores através da metodologia dos componentes principais. Os dados da análise estão na tabela 11.

Tabela 11: Estimativas dos autovalores e fração acumulada da variância explicada pelos componentes principais, pelo método Centroides.

Raiz	Raiz (%)	% Acumulada
2,08	51,96	51,96
1,45	36,17	88,13
0,31	7,80	95,93
0,16	4,07	100,0

A partir da Tabela 11 foi possível observar que os dois primeiros componentes principais, explicaram 88,13 da variação total. Esse valor foi superior aos encontrados por Barros et al. (2008), Peluzio et al. (2008) e Hamawaki et al. (2014) que encontram valores de 65%, 72% e 62,82% respectivamente, para os dois primeiros componentes.

Como dois autovalores com a retenção de 88,13% (Tabela 11) da variação total mostraram-se suficientes, partiu-se para a avaliação dos genótipos pela análise gráfica bidimensionada, conforme a Figura 5. Uma vez constatada a suficiência de dois autovalores na representação da variação total, a avaliação da posição dos genótipos pode ser feita por meio de gráficos bidimensionais (CARVALHO et al., 2002).

Na Figura 5 foi possível observar a plotagem dos genótipos segundo o método Centroides. A análise desse gráfico de dispersão permitiu verificar o comportamento dos genótipos em relação aos ideótipos preconizados pelo método. O formato de seta que

assume a ligação entre os pontos que representam os ideótipos permite uma interpretação quantitativa da adaptabilidade dos genótipos. À medida que os genótipos se distanciam da cauda para a ponta da seta a produtividade aumenta gradativamente (HAMAWAKI, 2014).

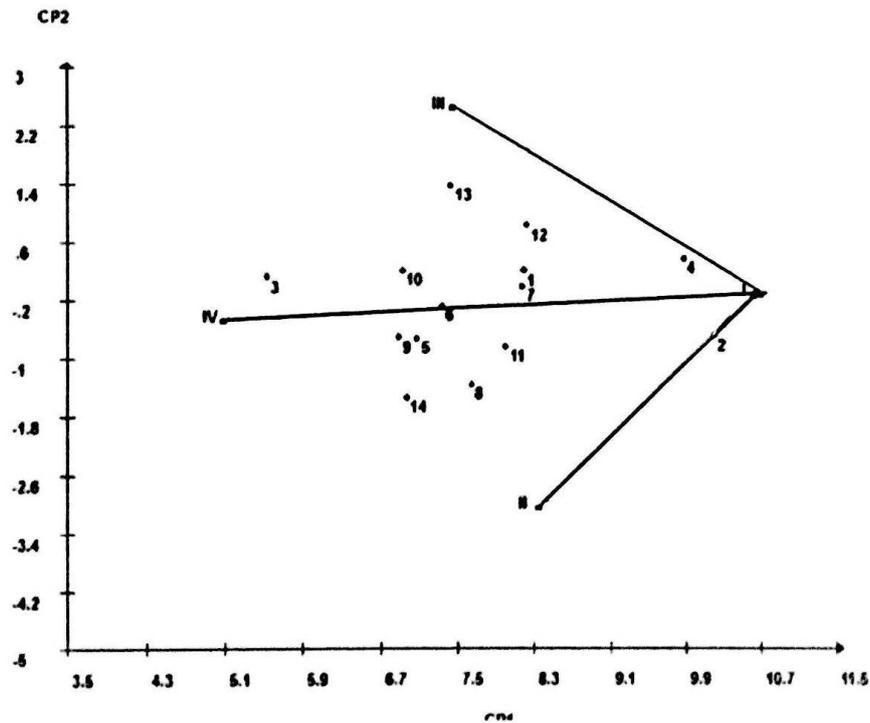


Figura 5: Dispersão gráfica dos dois primeiros componentes principais dos 14 genótipos de soja, para o caráter produtividade de grãos, kg ha^{-1} , em quatro ambientes. Os quatro pontos numerados com algarismos romanos representam os ideótipos, em que: I, máxima adaptabilidade geral; II, máxima adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III, máxima adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis; IV, mínima adaptabilidade. (1) UFUS 1117-01; (2) TMG 801; (3) UFUS 1117-02; (4) BRS GO 7560; (5) UFUS RIQUEZA; (6) UFUS 1117-03; (7) UFUS 7415; (8) UFUS 1117-05; (9) UFUS 1117-11; (10) UFUS 1117-06; (11) UFUS 1117-07; (12) UFUS 1117-08; (13) UFUS 1117-09; (14) UFUS 1117-10.

Uma interpretação similar pode ser feita em relação ao eixo central da seta, aqueles genótipos posicionados acima são mais aptos a ambientes favoráveis e aqueles abaixo são aptos a ambientes desfavoráveis. A distribuição dos genótipos é heterogênea, devendo-se principalmente, ao caráter em estudo, produtividade de grãos e permite associar os genótipos a maioria dos ideótipos (HAMAWAKI, 2014).

Portanto, interpretando a Figura 5, têm-se que os genótipos (4) BRSGO 7560, (2)TMG 801, (7)UFUS 7415, (1)UFUS 1117-01, (12)UFUS 1117-08 e (11)UFUS 1117-07 foram os mais produtivos, sendo que, 57% dos genótipos ficaram localizados acima do eixo central da seta, caracterizando adaptação a ambientes favoráveis.

Na tabela 12, encontram-se as classificações dos genótipos em relação ao método Centróide.

Tabela 12: Produtividade de grãos e parâmetros de estabilidade e adaptabilidade pelo método Centróide (ROCHA et al., 2005), em 14 genótipos de soja cultivados em 4 safras, em Uberlândia-MG.

Genótipos	Produtividade kg ha ⁻¹	Classificação	Prob (I)	Prob (II)	Prob (III)	Prob (IV)
UFUS 1117-01	2404,58	III	0,26	0,23	0,27	0,24
TMG 801	3012,99	I	0,55	0,19	0,14	0,11
UFUS 1117-02	1634,11	IV	0,11	0,14	0,18	0,58
BRSGO 7560	2991,42	I	0,60	0,13	0,17	0,10
UFUS RIQUEZA	2126,71	IV	0,21	0,25	0,24	0,29
UFUS 1117-03	2080,59	IV	0,18	0,27	0,20	0,35
UFUS 7415	2422,68	I	0,27	0,24	0,26	0,23
UFUS 1117-05	2182,51	II	0,18	0,40	0,16	0,26
UFUS 1117-06	2126,22	III	0,21	0,18	0,35	0,26
UFUS 1117-07	2390,32	I	0,28	0,27	0,22	0,22
UFUS 1117-08	2432,41	III	0,25	0,19	0,33	0,22
UFUS 1117-09	2224,19	III	0,18	0,15	0,43	0,23
UFUS 1117-10	2021,06	II	0,17	0,34	0,17	0,32
UFUS 1117-11	1927,98	IV	0,15	0,27	0,17	0,40

I: adaptabilidade geral alta, II: adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, III: adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, IV: pouco adaptado.

A classificação dos genótipos, de modo geral, ficou equilibrada. Os genótipos TMG 801, BRSGO 7560, UFUS 7415 e UFUS 1117-07 foram classificados como adaptabilidade geral alta (Tabela 12). Esse grupo de genótipos representa aqueles que contribuíram pouco para a interação genótipos por ambientes, e expressam o conceito de estabilidade proposto por Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), sendo por isso considerados mais estáveis (VASCONCELOS et al., 2011). Dois genótipos foram classificados como adaptabilidade específica a ambientes favoráveis: UFUS 1117-05 e UFUS 1117-10; quatro genótipos de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis: UFUS 1117-01, UFUS 1117-06, UFUS 1117-08 e UFUS 1117-09 e por fim, quatro genótipos de baixa adaptação: UFUS 1117-02, UFUS Riqueza, UFUS 1117-03 e UFUS 1117-11 (Tabela 13).

Dos genótipos avaliados, 28% foram classificados como adaptabilidade geral alta. Esses resultados diferem dos encontrados por Oliveira et al. (2012), em que obtiveram 44% dos genótipos classificados no ideotipo I, ou seja, adaptabilidade geral alta.

4. CONCLUSÕES

A interação genótipos por ambientes para produtividade de grãos é do tipo complexa.

A linhagem UFUS 1117-01 foi identificada pelas metodologias de Eberhart e Russel, Wricke, AMMI 1, AMMI 2 e Centroide como sendo um genótipo de alta estabilidade produtiva.

A linhagem UFUS 1117-07 apresentou alta estabilidade pelos métodos Eberhart e Russel (1966), Wricke (1965), Lin e Binns modificado por Carneiro (1998) e ampla adaptabilidade por Eberhart e Russel e Centroide.

A linhagem UFUS 1117-09 foi identificada como sendo adaptável a ambientes desfavoráveis pelos métodos Lin e Binns, modificado por Carneiro, AMMI 1 e Centroide.

O genótipo UFUS 1117-10 apresentou adaptabilidade a ambiente favoráveis pelos métodos AMMI 1 e Centroide e sua caracterização foi complementada por Eberhart e Russel, que identificou o genótipo como de alta estabilidade.

Os métodos Eberhart e Russel, AMMI 1 e Centroide reafirmaram entre si as informações contempladas em suas análises, mostrando que eles podem ser utilizados para aumentar a certeza quanto à classificação de genótipos de soja.

5. REFERÊNCIAS

- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, Itália, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.
- ARCINIEGAS-ALARCÓN, S.; DIAS, C. T. dos S. Análise AMMI com dados imputados em experimentos de interação genótipo x ambiente de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p. 1391-1397, 2009.
- BÁRBARO, I. M. et al. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, São Paulo, v. 35, n. 2, p. 136-145, 2007.
- BARROS, H. B. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Gurupi, v. 3, n. 2, p. 49-58, 2012.
- BARROS, H. B. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados no estado do Mato Grosso. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 3, p. 359-366, 2010.
- BARROS, H. B. et al. Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agrícola**, China, v. 9, p. 299-309, 2008.
- BATISTA, R. O. et al. Adaptability and stability of soybean genotypes in off-season cultivation. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 9634-9645, 2015.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Interação genótipo x ambiente. In: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013, p.131-144.
- CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise da estabilidade e adaptabilidade de comportamento**. 1998. 168f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.
- CARVALHO, C. G. P. et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187- 193, 2003.
- CARVALHO, E. V. et al.; Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em Tocantins. **Revista Agroambiente Online**, Roraima, v. 7, n. 2, p. 162-169, 2013.
- CARVALHO, H. W. L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro no triênio de 1998 a 2000. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 1581-1588, 2002.
- CASTRO, L. H. S. et al. Resistance of soybean genotypes to *Sclerotinia sclerotiorum* isolates in different incubation environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, p. 1-13.
- CAVALCANTE, A. K. et al. Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica de Genótipos de Soja em Porto Alegre do Norte, Mt. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 4, p. 942-949, 2014.

- COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. National Academy of Sciences, Washington, 1963, p.53-93.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos - safra 2016/17 – décimo segundo levantamento**. Companhia Nacional de Abastecimento, v. 4, n. 4, p. 1-158, 2017. ISSN: 23186852.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos - safra 2017/18 - primeiro levantamento**. Companhia Nacional de Abastecimento, v. 5, n. 1, p. 1-114, 2017.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, v. 2, 2014, 668p.
- CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, n. 219, p. 422-430, 1991.
- CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. Agronomy, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 05, p. 36-40, 1966.
- FRANCESCHI, L. et al. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade em cultivares de trigo no estado do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 4, 2010.
- GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, D. F. FGGE method: description and application in data from maize cultivars. **Euphytica**, Netherlands, v. 204, p. 723-737, 2015.
- GLASENAPP, J. S. et al. Diversity of agronomic and molecular traits of the soybean cultivars with different levels of *Phakopsora*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n.1, p. 25-36, 2015.
- GONÇALVES, E. C. P.; MAURO, A. O.; CARGNELUTTI-FILHO, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja conduzidos em duas épocas de semeadura, na região de Jaboticabal- SP. **Revista Científica**. Jaboticabal, v. 35, n. 1, p. 61-70, 2007.
- HAMAWAKI, R. L. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja pelos métodos de Toler e Centroide**. 2014. 55p. Tese (Doutorado)- Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, 2014.
- HENDERSON, C. R. 1984. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, Guelph. 462 p.
- LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; FILHO, C. H. A. M.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Revista Nativa**, Mato Grosso, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Canadá, v. 68, p.193-198, 1988.
- MACHADO, B.Q.V. et al. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 1-11, 2017.
- MARJANOVIC- JEROMELA, A. et al. Genotype by environment interaction for seed yield per plant in rapeseed using AMMI model. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 2, p. 174-181, 2011.

- MELO, L. C.; et al. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 715-723, 2007.
- MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V. ; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA, N. S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.
- MEOTTI, G. V. et al. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, p. 14-21, 2012.
- OLIVEIRA, A. B. de; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, p. 357-364, 2003.
- OLIVEIRA, E. J. et al. Adaptabilidade e estabilidade de amendoim de porte rasteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 1253-1260, 2006.
- OLIVEIRA, L. G.; et al. Adaptability and stability of soybean yield in two soybean producing regions. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 852-861, 2012.
- OLIVERA, E. J.; OLIVEIRA FILHO, O. S.; SANTOS, V. S. Classification of cassava genotypes based on qualitative and quantitative data. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, p. 906-92, 2015.
- PELUZIO, J. M.; et al. Análise de regressão e componentes principais para estudo da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, n. 4, p. 455-462, 2008.
- PELUZIO, J.M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em quatro épocas de semeadura no sul do Estado do Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 1, 2008.
- PEREIRA, A. da S.; COSTA, D. M. Análise de estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, p. 405-409, 1998.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182-194, 2007.
- ROCHA, M. M; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.
- ROCHA, R. B. et al. Avaliação do método centroide para estudo de adaptabilidade ao ambiente de clones de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, n.3, p. 255-266, 2005.
- ROMANATO, F. N. et al. Análises paramétricas e não paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em três épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 32, n. 3, p. 574-580. 2016
- RUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v. 1. 2004, 480p.

- SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.
- SILVA FILHO, J. L.; MORELLO, C. L.; FARIAS, F.J. C.; LAMAS, F. M., PEDROSA, M. B.; RIBEIROS, J. L. Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 3, 2008.
- SILVA, F. L. et al. Methods of adaptability and stability analysis in irrigated rice genotypes in Minas Gerais, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, p. 119-126, 2008.
- SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, p. 23-30. 2006.
- SOARES, I. O. et al. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, p. 8995-9003, 2015.
- SOUSA, L. B. et al. Evaluation of soybean lines and environmental stratification using the AMMI, GGE biplot, and factor analysis methods. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 12660-12674, 2015.
- TEIXEIRA JÚNIOR, T. et al. Correlação entre metodologias de adaptabilidade e estabilidade para genótipos de soja em regiões de áreas degradadas. **Revista Agroambiente On-line**, Roraima, v. 9, n. 1, p. 35-41, janeiro-março, 2015.
- TEIXEIRA, F. G. et al. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4, p. 1-16, 2017.
- TEIXEIRA, F. G. et al. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, p. 1-16, 2017.
- VASCONCELOS, E. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.
- VASCONCELOS, E. S. et al. Integrated method for adaptability and phenotypic stability analysis. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 2, p. 251-257, 2011.
- WRICKE, G. **Zur Berechnung der Ökivalenz bei Sommerweizen und Hafer**. Zeitschrift für Pflanzenzüchtung, v. 52, p.127-138, 1965.
- YOKOMIZO, G. K.; VELLO, N. A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000.
- ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Estados Unidos, v. 80, p. 388-393, 1988.