

FERNANDA DA SILVA BERNARDES

ANÁLISE DE GERAÇÕES E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM  
GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO RESISTÊNCIA À FERRUGEM  
ASIÁTICA E PRODUÇÃO DE GRÃOS

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2019

FERNANDA DA SILVA BERNARDES

ANÁLISE DE GERAÇÕES E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM  
GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO RESISTÊNCIA À FERRUGEM  
ASIÁTICA E PRODUÇÃO DE GRÃOS

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<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira

Co-orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2019

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

---

B522a      Bernardes, Fernanda da Silva, 1991  
2019      Análise de gerações e estratégias de seleção em genótipos de soja  
visando resistência à ferrugem asiática e produção de grãos [recurso  
eletrônico] / Fernanda da Silva Bernardes. - 2019.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.

Coorientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.1317>

Inclui bibliografia.

Inclui ilustrações.

1. Agronomia. 2. Soja - Melhoramento genético. 3. Ferrugem  
asiática. 4. Soja - Resistência a doenças e pragas. I. Nogueira, Ana Paula  
Oliveira, 1981, (Orient.). II. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki, 1954,  
(Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-  
Graduação em Agronomia. IV. Título.

---

CDU: 631

Angela Aparecida Vicentini Tzi Tziboy – CRB-6/947

FERNANDA DA SILVA BERNARDES

ANÁLISE DE GERAÇÕES E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM  
GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO RESISTÊNCIA À FERRUGEM  
ASIÁTICA E PRODUÇÃO DE GRÃOS

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 25 de fevereiro de 2019.

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki  
(co-orientador)


UFU

Profª. Drª. Larissa Barbosa de Sousa

UFU

Profª. Drª. Abadia dos Reis Nascimento

UFG

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

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2019

*Dedico*

*Aos meus pais, Leila e Paulo Cesar.*

*Ao meu irmão João Paulo.*

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente agradeço à DEUS por ter traçado este caminho que vivo hoje, cheio de desafios, dificuldades com os quais cresço, oportunidades, alegrias, tristezas, pessoas maravilhosas ao meu redor e por toda luz e auxílio que recebi nessa trajetória.

Aos meus pais, Leila e Paulo Cesar, pelo apoio, pela dedicação.

Ao meu irmão, João Paulo, pela amizade e suporte nos momentos mais difíceis.

À minha amiga, Flaviani, pela amizade, companheirismo, pelo apoio nos momentos de desânimo, pelo auxílio na execução dos experimentos e nas aulas. Obrigada por fazer esses dois anos mais leves.

À minha amiga, Marlize, pela amizade, apoio, e pelos momentos de descontração.

À professora Dr.<sup>a</sup> Ana Paula, pela orientação no desenvolvimento deste trabalho, pelas sugestões, pelos conselhos e pela dedicação. Obrigada professora por colaborar com a minha formação profissional.

Ao professor Dr. Osvaldo, pela oportunidade de participar do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pelo auxílio e sugestões para a realização deste trabalho.

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela parceria e auxílio nas atividades experimentais, em especial ao Arthur, Diego, Gustavo, Thiago e Vitória. Vocês foram minha alegria e meu suporte nesse último ano, sem vocês eu não teria conseguido.

Aos colegas da pós-graduação, Alex, Anna Regina, Bruna, Bruno, Carolina, Layara, Lorrayne, Morgana, Murilo, Natália e Paula pela agradável convivência, amizade, ajuda e ensinamentos compartilhados.

Aos membros da banca examinadora, professoras Dr<sup>a</sup> Larissa Barbosa de Sousa e Dr<sup>a</sup> Abadia dos Reis Nascimento, pela disponibilidade e contribuição na melhoria deste trabalho.

Aos funcionários da fazenda Capim Branco, em especial ao Frederico e ao Francisco (Luquinha), pela ajuda e atenção dadas durante a condução do experimento.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, à Universidade Federal de Uberlândia e FAPEMIG, pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado, suporte acadêmico, instalações e serviços. Muito obrigada à todos!

## SÚMARIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
CAPÍTULO I. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	3
1. Cultura da Soja.....	3
1.1. Origem e evolução da soja.....	3
1.2. Importância Econômica .....	4
1.3. Aspectos botânicos e descrição da planta .....	5
2. Ferrugem asiática da soja (FAS) .....	6
3. Aspectos relacionados ao melhoramento genético da soja .....	8
3.1. Melhoramento visando à resistência a ferrugem asiática da soja .....	10
4. Parâmetros Genéticos.....	11
5. Ganhos por seleção .....	13
5.1. Seleção direta.....	13
5.2. Correlação entre caracteres.....	14
5.3. Índice de seleção.....	15
REFERÊNCIAS.....	16
CAPÍTULO II. Análise de gerações para caracteres agronômicos e severidade da ferrugem asiática em população segregante F <sub>2</sub> e retrocruzamentos em soja .....	25
ABSTRACT.....	26
1. INTRODUÇÃO .....	27
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	29
2.1. Local de instalação do experimento .....	29
2.2. Escolha dos genitores .....	29
2.3. Obtenção das gerações.....	30
2.4. Condução das populações segregantes das gerações P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>2</sub> e RC à campo.....	31
2.5. Avaliações das gerações (P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>2</sub> e RC).....	33
2.6. Análise estatística .....	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	38
4. CONCLUSÕES .....	45
REFERÊNCIAS.....	46

CAPÍTULO III. Estratégias de seleção aplicadas em caracteres agronômicos e severidade da ferrugem asiática em população F <sub>3</sub> de soja.....	49
ABSTRACT.....	50
1. INTRODUÇÃO .....	51
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	53
2.1. Instalação do experimento .....	53
2.2. Tratamentos e delineamento experimental .....	53
2.3. Implantação e Condução do experimento.....	53
2.4. Avaliações das gerações (P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> e F <sub>3</sub> ) .....	54
2.5. Análise estatística .....	56
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	61
4. CONCLUSÕES .....	73
REFERÊNCIAS.....	74
ANEXOS .....	79



BERNARDES, FERNANDA DA SILVA. **Análise de gerações e estratégias de seleção em genótipos de soja visando resistência à ferrugem asiática e produção de grãos.** 2019. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.<sup>1</sup>

## RESUMO

A ferrugem asiática causa expressivos danos à cultura da soja, assim, o uso de cultivares que sejam precoces e resistentes tem sido alvo dos programas de melhoramento, para amenizar as perdas na produtividade de grãos. O processo de desenvolvimento de cultivares segue várias etapas, e, para a escolha do melhor método, o uso de estimativas de parâmetros genéticos, como os obtidos em análise de gerações, permite melhor estudo e definição das estratégias de melhoramento. Além disso, a seleção de genótipos superiores requer uma avaliação simultânea de todos os caracteres-alvo no melhoramento, por isso, o índice de seleção torna-se uma alternativa. Esta dissertação foi dividida em três capítulos, sendo o primeiro capítulo uma revisão bibliográfica sobre a importância da cultura, o melhoramento genético de soja e ferrugem asiática. O segundo capítulo teve como objetivo avaliar parâmetros genéticos e estimar ganhos de seleção em duas combinações envolvendo genitores com resistência a ferrugem asiática. Esse estudo foi realizado na fazenda experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliados caracteres agronômicos e severidade da ferrugem asiática para as duas combinações de F<sub>2</sub> originárias das hibridações entre UFUS 6901 x TMG 801, UFUS 6901 x BRSGO 7560 e seus respectivos retrocruzamentos. As duas combinações possibilitaram estimar parâmetros genéticos e indicaram variabilidade para as populações segregantes F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>. A combinação de UFUS 6901 com TMG 801 possibilitou a seleção de indivíduos superiores quanto à produção de grãos e a combinação UFUS 6901 com BRSGO 7560 para severidade da ferrugem. No capítulo três, realizou-se uma pesquisa objetivando determinar parâmetros genéticos, estimar correlações fenotípicas e genotípicas em progênies F<sub>3</sub> oriundos de duas populações com genitores resistentes a ferrugem asiática; selecionar progênies F<sub>3</sub> de duas populações com alta produtividade e maior resistência à severidade da ferrugem asiática. O experimento foi realizado em campo na área do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, no município de Uberlândia – MG, na safra 2018/2019. Foram avaliados 87 genótipos de soja da combinação UFUS 6901 x TMG 801 e 87 genótipos de soja da combinação entre UFUS 6901 x BRSGO 7560. As testemunhas utilizadas foram: UFUS 6901, TMG 801 e BRSGO 7560. O delineamento foi o de blocos completos casualizados com três repetições. Constatou-se a existência de variabilidade genética em ambas as populações. A população UFUS 6901 x TMG 801 apresentou progênies com alta produtividade de grãos cujas estimativas oscilaram de 3935,46 a 4734,58 kg ha<sup>-1</sup>. Verificou-se, ainda, a existência de correlação fenotípica e genética acima de 0,9 e de sinal positivo entre os caracteres severidade da ferrugem e progresso da doença. Os ganhos de seleção para produtividade de grãos variaram de 1,69% a 14,91% para as estratégias respectivamente. Foi possível selecionar as progênies UFUS FB 12 oriunda de UFUS 6901 x TMG 801; e progênies UFUS FB 37 da população UFUS 6901 x BRSGO 7560.

**Palavras-chave:** índice de seleção, parâmetros genéticos, ganho genético.

---

<sup>1</sup>Orientadora: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira

BERNARDES, FERNANDA DA SILVA. **Analysis of generations and selection strategies in soybean genotypes for resistance to Asian rust and grain production.** 2019. Dissertation (Master's Degree in Agronomy / Plant Science) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.

## **ABSTRACT**

Asian rust causes significant damage to soybean crops, thus, the use of cultivars that grow faster and are resistant has been the target of breeding programs to alleviate losses in grain yield. The cultivar development process follows several steps, and to choose the best method, the use of genetic parameter estimates, such as those obtained in the analysis of generations, allows better study and definition of breeding strategies. In addition, selecting superior genotypes requires a simultaneous evaluation of all target characters in the breeding, so the selection index becomes an alternative. This dissertation was divided into three chapters, the first chapter being a bibliographical review on the importance of culture, the genetic improvement of soybean and Asian rust. The second chapter aimed to evaluate genetic parameters and to estimate selection gains in two combinations involving parents with resistance to Asian rust. This study was carried out at the Capim Branco experimental farm of the Federal University of Uberlândia. Agronomic characters and rust severity were evaluated for the two F<sub>2</sub> combinations from the hybridizations between UFUS 6901 x TMG 801, UFUS 6901 x BRSGO 7560 and their respective backcrosses. The two combinations allowed to estimate genetic parameters and indicated variability for the segregating populations F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> and RC<sub>2</sub>. The combination of UFUS 6901 and TMG 801 allowed the selection of superior individuals regarding grain production and the combination UFUS 6901 and BRSGO 7560 for rust severity. In chapter three, a research was carried out aiming at determining genetic parameters, estimating phenotypic and genotypic correlations in F<sub>3</sub> progenies from two populations with parents resistant to Asian rust; to select F<sub>3</sub> progenies from two populations with high productivity and less resistance to rust. The experiment was carried out in the field of the UFU Soybean Improvement Program, in the municipality of Uberlândia - MG, in the 2018/2019 harvest. We evaluated 87 soybean genotypes of the combination UFUS 6901 x TMG 801 and 87 soybean genotypes of the combination between UFUS 6901 x BRSGO 7560. The controls used were: UFUS 6901, TMG 801 and BRSGO 7560. The design was the complete randomized blocks with three replicates. It was verified the existence of genetic variability in both populations. The population UFUS 6901 x TMG 801 presented progenies with high grain yields whose estimates ranged from 3935,46 to 4734,58 kg ha<sup>-1</sup>. It was also verified the existence of genetic and phenotypic correlation above 0,9 and positive sign between the characters severity of rust and disease progression. The selection gains regarding grain yield ranged from 1,69% to 14,91% for the strategies respectively. It was possible to select progenies UFUS FB 12 from UFUS 6901 x TMG 801; and progenies UFUS FB 37 from the population UFUS 6901 X A BRSGO 7560.

**Keywords:** selection index, genetic parameters, genetic gain.

## INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merr.] está entre as espécies vegetais mais importantes e rentáveis no mundo inteiro. O seu cultivo encontra-se principalmente nos Estados Unidos, Brasil, Argentina e China. O Brasil ocupa o segundo lugar em área de cultivo e produção mundial com aproximadamente 35 milhões de hectares e 116 milhões de toneladas, respectivamente (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2018).

O alto desempenho da soja no Brasil é devido às tecnologias de produção e novas cultivares desenvolvidas que possuem alto potencial produtivo, que são resistentes a estresses bióticos e abióticos e adaptadas às condições dos diversos biomas e baixas latitudes (TECNOLOGIAS, 2013).

Os estresses bióticos, tais como patógenos, insetos e plantas daninhas podem impactar de forma negativa a produção de grãos. Entre as doenças que afetam a cultura, a ferrugem asiática da soja (FAS) causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow) é a mais severa, e foi identificada praticamente em todas as regiões produtoras de soja no mundo, podendo causar grandes prejuízos de até 80% da produção. Assim, o uso de cultivares resistentes tem sido útil na redução das perdas econômicas causadas pela doença (CAMOLESE et al., 2012).

Os programas de melhoramento de soja têm como principal objetivo desenvolver genótipos adaptados às adversidades ambientais, como: estresse hídrico, ataque de pragas e doenças e a arquitetura das plantas. Esses fatores estão relacionados a fenótipos de resistência a doenças, e caracteres agronômicos, como altura da planta, número de nós e de vagens, entre outros que podem ser de interesse agrônomo (BACAXIXI et al., 2011).

O processo de desenvolvimento de novas cultivares é realizado por várias etapas como: a escolha dos genitores, obtenção das populações segregantes e a condução delas no avanço de gerações até a seleção de linhagens superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A obtenção de populações segregantes que reúnam maior número de caracteres favoráveis só é possível com o avanço de gerações, por meio de cruzamentos entre genitores contrastantes e produtivos. Na análise dessas populações é possível obter informações sobre a variabilidade genética e a herança de caracteres e, consequentemente, auxílio na identificação do melhor método de melhoramento a ser adotado. Em estudos de gerações precoces, as estimativas de parâmetros genéticos

(variância genética, herdabilidade e ganho genético), e o estudo das correlações genéticas são de suma importância no processo de seleção dos genótipos mais promissores (HAMAWAKI et al., 2012; PASSOS et al., 2010).

A chance de êxito de um programa de melhoramento aumenta quando é possível a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica (REZENDE et al., 2014; VASCONCELOS et al., 2010). Dessa forma, o índice de seleção se torna uma ferramenta adicional, estabelecido pela combinação de vários caracteres, permitindo uma eficiente seleção simultânea (CRUZ, 2013).

Diante do exposto, a dissertação está dividida em 3 capítulos, sendo o capítulo I uma revisão bibliográfica sobre a importância da cultura, o melhoramento genético de soja e ferrugem asiática; no capítulo II o objetivo foi avaliar parâmetros genéticos e estimar ganhos de seleção em duas combinações envolvendo genitores com resistência à ferrugem asiática; e no capítulo III o objetivo foi determinar parâmetros genéticos, estimar correlações fenotípicas e genotípicas em progênies  $F_3$  oriundos de duas populações com genitores resistentes a ferrugem asiática; selecionar progênies  $F_3$  de duas populações com alta produtividade e menor resistência à ferrugem.

## CAPÍTULO I. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 1. Cultura da Soja

#### 1.1. Origem e evolução da soja

A soja [*Glycine max* (L.) Merr.] é originária do Nordeste da China, conhecida como região da Manchúria (HYMOWITZ, 2004). A referência mais antiga à soja encontra-se no herbário PEN TS' AO KANG MU, escrita em 2838 a.C. A soja assim como o arroz, o trigo, a cevada e o milheto eram considerados grãos sagrados por serem essenciais à estabilidade da civilização chinesa (BONATO; BONATO, 1987; CÂMARA, 2015).

Em 1712, a soja foi levada pela primeira vez para a Europa, sendo cultivada na Inglaterra em 1790. Na França, o primeiro relato foi em 1739, e somente por volta de 1910 quatro cultivares precoces, eram cultivadas no país, como planta hortícola. Na Itália, o cultivo se iniciou em 1840 (BONETTI, 1981).

Na América do Norte, na Pensilvânia, Estados Unidos, foi relatada pela primeira vez em 1804, como possível promissora planta forrageira e produtora de grãos. Após várias experiências em diversos estados, o seu potencial foi reconhecido e seu cultivo ocorreu a partir de 1880. Contudo, o grande destaque de produção ocorreu a partir de 1930. O rápido crescimento da oleaginosa no país ocorreu por sua qualidade como alimento, e da possibilidade de colheita mecanizada (BLACK, 2000).

Os primeiros relatos sobre a soja no Brasil datam de 1882, na Bahia. Contudo, as cultivares provenientes dos Estados Unidos não se adaptaram à latitude em torno de 12° Sul. Em 1891, foram introduzidas novas cultivares em Campinas, SP, cuja latitude é em torno de 22° 54' Sul, apresentando melhor desempenho. Nesse mesmo ano a soja foi introduzida no Rio Grande do sul, tendo um bom desempenho, principalmente porque o fotoperíodo era semelhante ao Sul dos Estados Unidos (SEDIYAMA et al., 2015).

O desenvolvimento da cultura da soja no país esteve sempre vinculado aos avanços científicos e à disponibilidade de tecnologias do setor produtivo. E um dos fatores que promoveram esse avanço foram os programas de melhoramento genético de soja do Brasil com a criação de novas cultivares com alta produtividade e adaptadas às diversas regiões. O cenário positivo de um país que tem ferramentas para expandir sua produção, projeta-se para a safra 2027/28, um acréscimo na ordem de 33%, para cerca de 156 milhões de

toneladas. Por outro lado, a evolução mais significativa deve continuar ocorrendo nas exportações do grão (38%), reafirmando as previsões do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) e confirmação da liderança brasileira (BENNO et al., 2018).

## **1.2.Importância Econômica**

O grão de soja tem altos teores de proteínas e óleo em sua composição, os teores médios das cultivares brasileiras giram em torno de 40% e 20%, respectivamente. As cultivares ricas em proteína, óleo e de ampla adaptação aos diversos climas no Brasil proporcionaram o desenvolvimento da cultura e a formação de um complexo industrial voltado ao seu processamento no país (BEZERRA et al., 2015; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

A planta da soja e seus subprodutos provenientes do processo industrial dos grãos apresentam várias utilizações, como: adubação verde; alimentação humana (óleo, margarina, panificação, massas alimentícias, entre outros); nutrição animal (silagem, farelo, entre outros); usos industriais (adesivos, tintas, inseticidas, tecidos, sabões, entre outros); e usos potenciais (adesivos para madeira, plásticos biodegradáveis, materiais poliméricos para construção, entre outros) (CÂMARA, 2015).

Os maiores produtores de soja mundiais são os Estados Unidos, Brasil e Argentina, responsáveis por mais de 80% da produção mundial do grão. No Brasil, os principais produtores de soja estão concentrados nos estados do Mato Grosso, Paraná e Rio Grande do Sul. Atualmente, o país é o segundo maior produtor do grão e apresenta uma área cultivada de 35,10 milhões de hectares com produção de 119,8 milhões toneladas, o que equivale a uma produtividade média nacional de 3.333 kg $ha^{-1}$  (CONAB, 2018).

O complexo soja (grão, óleo e farelo), constitui-se em uma das mais importantes “*commodities*” nacionais, sendo que no ano de 2018 foi exportado um total de US\$ 5,15 bilhões, o que representa um aumento de 8,7% em relação a 2017, e o seu volume exportado aumentou em 0,76%, chegando a 12,9 milhões de toneladas (FEDERAÇÃO DA AGRICULTURA DO RIO GRANDE DO SUL - FARSUL, 2018).

Analisando o grupo complexo soja, as exportações de soja em grãos tiveram um aumento no seu valor de exportação de 4,2%, totalizando US\$ 4,2 bilhões, enquanto o seu volume exportado teve uma diminuição de 2,4%, ocasionando em um aumento do preço do US\$/ton de 6,8%. O farelo de soja também apresentou resultados satisfatórios, cujo valor exportado foi de 44,5% (US\$ 819 milhões), com um incremento no volume

exportado de 19,3% e com um aumento no preço do US\$/ton de 21,1%. O óleo de soja foi o único subitem do grupo complexo soja que apresentou queda no seu valor exportado, de 2,8% (US\$ 164 milhões), apesar de ter aumentado o seu volume exportado em 2%, resultando em uma queda do preço do US\$/ton de 4,8% (FARSUL, 2018).

O alto desempenho da soja no agronegócio brasileiro se deve ao grande avanço tecnológico desenvolvido para o cultivo da cultura no país, resultados do desempenho das instituições de pesquisa. Desse modo, deve-se destacar os programas de melhoramento genético de soja do Brasil, que ao longo dos anos já desenvolveram centenas de cultivares no mercado (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

### **1.3.Aspectos botânicos e descrição da planta**

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

A germinação é do tipo epígea (epi - acima de; geo - terra) e a planta é herbácea. É uma cultura anual, apresentando ciclo de vida entre 70 e 200 dias; altura de inserção da primeira vagem de 10 a 20 cm e altura da planta de 30 a 250 cm; hábito de crescimento pode ser ereto a acamado; tipo de crescimento determinado, semideterminado ou indeterminado; resistência a deiscência das vagens; mundialmente o grupo de maturidade é classificado de 000 a X e no Brasil de V a X; a cor da pubescência das vagens e a haste é cinza ou marrom (MATSUO et al., 2015).

As flores são completas, contendo os órgãos reprodutivos masculinos e femininos, protegidos pela corola e pelo cálice. As flores da soja se desenvolvem por estruturas denominadas ráceros, encontradas nas axilas ou no término das inflorescências. A soja é uma planta autógama e cleistógama, ou seja, se reproduz por autofecundação em uma taxa maior que 95% e a fecundação do óvulo ocorre antes da abertura floral (BORÉM; ALMEIDA; KIHIL, 2009; SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Possui sistema radicular do tipo pivotante, no qual se desenvolvem as raízes secundárias em maior quantidade (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). As folhas da soja são classificadas em cotiledonares ou embrionárias, simples ou unifolionadas e trifolioladas ou compostas. O fruto é do tipo vagem e ocorrem de 2 a mais de 20 por inflorescência e o número de sementes por vagem varia de 1 a 5. A semente de

soja apresenta diferenças na forma (globosa, elipsoidal ou oval), no tamanho (2 a 50 gramas por 100 sementes), na cor do tegumento (amarelo-palha, amarelo-olivácea, verde oliva, marrom, preta ou bicolor), cor do hilo (cinza, amarela, marrom clara, marrom médio, preta imperfeita e preta) (MATSUO et al., 2015; MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA, 2009).

A soja é uma planta de dias curtos, no qual a indução floral ocorre quando o número de horas de luz for menor ou igual ao fotoperíodo crítico específico de cada cultivar. Dessa forma, a indução floral altera os meristemas vegetativos em reprodutivos, determinando o número de nós e, portanto, seu potencial de rendimento (SILVA et al., 2015).

## **2. Ferrugem asiática da soja (FAS)**

A ferrugem na soja pode ser causada por duas espécies do gênero *Phakopsora*, a *P. pachyhizi* (forma anamórfica *Malupa sojae*), é mais agressiva, conhecida como ferrugem asiática da soja (FAS), e a espécie mais virulenta é a *P. meibomia* (forma anamórfica *M. vignae*), que provoca a ferrugem americana (HARTMAN et al., 2015). A FAS é um fungo biotrófico, ou seja, depende nutricionalmente de tecidos vivos para sobrevivência, e pertencente ao reino Fungi, classe Urediniomycetes, ordem Uredinales, família Phakopsoraceae, espécie *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow) (GOELLNER et al., 2010).

A FAS foi registrada pela primeira vez em 1902, no Japão, sendo que em 1914 já havia se disseminado para vários países do sudeste da Ásia (ONO; BURITICÁ; HENNEN, 1992). No continente africano foi identificada pela primeira vez em Togo, 1980 (MAWUENA, 1982), posteriormente em Uganda em 1996 (KAWUKI et al., 2003), seguindo em 1998 no Kênia e Ruanda (REIS; BRESOLIN, 2004), Zimbábue e Zâmbia (LEVY, 2005). No ano de 2001, foi encontrada na África do Sul e na Nigéria (AKINSANMI et al., 2001), tornando-se uma epidemia (PRETORIUS et al., 2001). Em 2007, a ferrugem foi também reportada em Gana (BANDYOPADHYAY et al., 2007).

No continente americano foi identificada pela primeira vez em 1976, Porto Rico (VAKILI, BROMFIELD, 1976), seguindo pelo Hawaii em 1994 (KILLGORE; HEU, 1994). O primeiro registro na América do Sul foi em fevereiro de 2001, no Paraguai (MOREL, YORINORI, 2002; YORINORI et al., 2002a). Em 2002 a doença apareceu no Brasil (YORINORI et al., 2002b; COSTAMILAN et al., 2002; REIS et al., 2002) e na



Argentina (ROSSI, 2003). No ano de 2003 foi reportada na Bolívia (NAVARRO et al., 2004) e na Colômbia (REIS et al., 2006), migrando em 2004 para o Uruguai (STEWART et al., 2005) e 2005 no Equador (SOTOMAYOR-HERRERA, 2005), México (CÁRCAMO-RODRÍGUEZ et al., 2006; YÁÑEZ-MORALES et al., 2009) e Estados Unidos (SCHNEIDER et al., 2005). Atualmente, a ferrugem asiática está presente em todos os países produtores da cultura da soja.

Os danos causados pela ferrugem no Brasil, entre as safras 2002 e 2013 resultou em um custo total, envolvendo as perdas em volume de grãos, controle e a perda de arrecadação de impostos sobre os grãos perdidos, de 23 bilhões de dólares. O histórico de quase 16 anos (2001 a 2017) desde o primeiro relato da doença não tem sido nada pacífico, pois a ferrugem asiática é totalmente imprevisível e variável de acordo com as condições climáticas da safra, podendo ser extremamente agressiva em condições favoráveis (YUYAMA et al., 2018).

Em plantas suscetíveis, os sintomas iniciais são lesões de coloração marrom-claro, angulares com 2 mm a 5 mm de diâmetro. Na parte abaxial da folha, correspondente a essas lesões, encontram-se as estruturas reprodutivas do fungo, as urédias, nas quais são formados os esporos, denominados uredósporos. A disseminação dos uredósporos ocorre pelo vento. As condições favoráveis para o estabelecimento do fungo na planta são molhamento foliar mínimo de seis horas e temperatura entre 8°C e 28°C (ótimo entre 18°C e 25°C) (HARTMAN et al., 2015). Todos os estágios de desenvolvimento da planta de soja são suscetíveis ao fungo 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).

Existem dois tipos de lesões, a do tipo TAN (tanish) ou tolerantes, que são lesões de coloração castanho-claras e são conhecidas como lesões suscetíveis, com bastante esporulação. O outro tipo de lesão possui coloração castanho-avermelhada, são indicativas de resistência, e são conhecidas como lesões RB (redish brown), e contêm limitada esporulação (PHAM et al., 2009).

Para reduzir os danos à cultura, as estratégias de manejo recomendadas são: vazios sanitários; uso de cultivares com gene (s) de resistência quando disponíveis; semeadura no início da época recomendada e/ou; uso de cultivares de ciclo precoce; aplicação adequada de fungicidas (GODOY et al., 2016). Desde a introdução da ferrugem no Brasil, o número de fungicidas aumentou de 5 para 117, entre 2002 e 2015 e na ausência de medidas de controle, têm sido reportadas perdas de produção de até 90% (HARTMAN et al., 2015).

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

Segundo Hartman et al. (2011), foram descobertos 150 espécies de 53 gêneros diferentes, onde o patógeno é capaz de esporular. Tais resultados indicaram que os inúmeros hospedeiros alternativos podem servir como “ponte verde” durante o período em que não há plantas de soja nas lavouras. Dessa forma, no Brasil, desde o ano de 2006, os estados têm adotado o vazio sanitário, período de 60 a 90 dias em que não é permitido cultivo da soja e há obrigatoriedade da eliminação de plantas voluntárias, com o intuito de quebrar o ciclo de multiplicação do fungo e retardar o início da epidemia na próxima safra (GODOY et al., 2015).

### **3. Aspectos relacionados ao melhoramento genético da soja**

Os primeiros experimentos de melhoramento foram basicamente desenvolvidos por grupos de pesquisa públicos como o Instituto de Pesquisa de Campinas e a Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária - Embrapa, logo depois, com a expansão da cultura e sancionada a Lei de Proteção de Cultivares (LPC) nº. 9456, de 25 de abril de 1997, regulamentada pelo Decreto nº. 2366, de 5 de novembro de 1997, as instituições privadas passaram a investir no desenvolvimento de cultivares. Entre as culturas vegetais, a soja é a que apresenta maior número de registros de cultivares no Ministério da Agricultura. Atualmente constam quase dois mil registros de cultivares diferentes de soja, distribuídos entre empresas privadas e públicas (MAPA, 2019).

No Brasil, o melhoramento de soja vem sendo realizado desde 1948, no Rio Grande do Sul, com o estudo do desempenho de cultivares, a fim de obter cultivares adaptadas a essa região (SEDIYAMA et al., 2015). As primeiras cultivares de soja aptas para as baixas latitudes, com período juvenil longo, foram desenvolvidas a partir de hibridações com a variedade PI 240664, na década de 70 (UNFRIED; BRAGA, 2011).

A expansão da soja em território nacional aconteceu graças à disponibilidade de cultivares com ampla adaptação às regiões do Brasil e aos investimentos dos programas de melhoramento de soja do setor público e privado, que têm o propósito de desenvolver cultivares cada vez mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, com ampla adaptação

e maior estabilidade, para diferentes locais e cultivos (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

Apesar dos programas de melhoramento terem grande progresso no desenvolvimento de novas cultivares e do número expressivo de cultivares comerciais registrados, estudos têm demonstrado que a soja brasileira apresenta base genética estreita, ou seja, tem alto grau de parentesco, fato que dificulta a escolha dos genitores nos programas de melhoramento (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

Durante o processo de melhoramento, estão envolvidas várias etapas, desde a escolha dos genitores para a obtenção de populações segregantes, avanço de gerações, processos de avaliação e seleção, testes de resistência a pragas e doenças até a recomendação de cultivares (PÍPOLO et al., 2007; NOGUEIRA et al., 2015). Cabe aos programas de melhoramento a escolha de parentais que tenham grandes requisitos agronômicos para recomendação de cultivares às diferentes condições ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A escolha de genitores é a primeira etapa do melhoramento, para a realização da hibridação artificial e para a obtenção de populações segregantes, que são submetidas a sucessivas gerações de autofecundação, para obter indivíduos homozigotos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Entre as metodologias para a escolha dos melhores genitores, destacam-se os dialelos, que permitem avaliar os efeitos da capacidade geral e específica de combinação, estimados por meio da avaliação simultânea dos genitores e da geração F<sub>1</sub> (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para o desenvolvimento de populações segregantes, a seleção deve ocorrer com genitores contrastantes, que resultam em uma maior variabilidade genética e consequentemente em maior probabilidade de ocorrência de combinações favoráveis pelo rearranjo de alelos (NOGUEIRA, 2011). A população segregante pode ser oriunda de cruzamentos biparentais ou retrocruzamentos, duplos, triplos ou complexos (BORÉM; MIRANDA, 2017; MATSUO et al., 2015).

Existem vários métodos de seleção que são utilizados para condução de populações segregantes. Os mais comuns incluem: seleção genealógica, descendente de uma única vagem (SSD), melhoramento por bulk, descendente de uma única vagem e teste de gerações precoces (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES; 2015).

### 3.1.Melhoramento visando à resistência a ferrugem asiática da soja

A resistência genética é uma importante ferramenta do manejo integrado para o controle da ferrugem asiática. Contudo, a obtenção de uma cultivar resistente tem sido um grande desafio para os programas de melhoramento genético de soja, pois o agente causador da doença possui a habilidade de formar novas raças virulentas e quebrar rapidamente a resistência vertical (MATSUO et al., 2015).

A resistência é uma reação de defesa da planta, que resulta da soma de fatores que tendem a diminuir a agressividade do agente causador da doença. Existem dois tipos de resistência: a resistência vertical ou de raça específica, geralmente mono ou oligogênica, ou seja, controlada por um ou poucos genes; e a resistência horizontal, que é inespecífica e controlada por vários genes (ESPOLADOR, 2016).

O processo para o desenvolvimento de genótipos resistentes à ferrugem envolve a identificação de fontes de resistência a essa doença, e logo em seguida realizar os cruzamentos entre indivíduos resistentes e cultivares locais para criar genótipos adaptados às condições do ambiente. No final, identificam-se aqueles genótipos que são resistentes à FAS e que tenham um alto rendimento (SILVA, 2018).

Foram identificados sete *loci* de resistência vertical para a ferrugem (*Rpp1* a *Rpp7*), contendo pelo menos dez alelos de resistência, sendo nomeados em ordem de descoberta: *Rpp1-a*, *Rpp1-b*, *Rpp2*, *rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4*, *Rpp5*, *rpp5*, *Rpp6* e *Rpp7* (WALKER et al., 2014). 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). Além disso, foram identificados no loco *Rpp1* alelos alternativos de resistência e mais alelos alternativos provavelmente existam em outros locos (RAY et al., 2011).

Para o sucesso do melhoramento é importante a obtenção de genótipos contendo genes de efeitos maiores (resistência vertical) e menores (resistência horizontal). Mesmo sendo fácil e rapidamente obtida, a resistência vertical não apresenta resultados duradouros (LIMA et al., 2012), pois *P. pachyrhizi* faz com que a resistência vertical não seja durável, por possuir várias raças virulentas e habilidade de reter fatores de virulência em alta frequência.

A resistência horizontal confere um pequeno efeito de cada gene, é bem efetiva contra um grande número de raças do fungo e sua ação consiste em diminuir a taxa de desenvolvimento da doença. Atua sobre diversos fatores, como o período latente mais

longo, no número e no tamanho das lesões, no número de urédias e de esporos por lesão e viabilidade inferior dos esporos (ARIAS et al., 2008).

#### **4. Parâmetros Genéticos**

A análise de gerações corresponde ao procedimento em que são avaliadas simultaneamente as várias gerações ou populações, incluindo os genitores, híbridos ( $F_1$ ), e as gerações segregantes, como as populações  $F_2$  e as derivadas de retrocruzamentos  $RC_1$  ( $P_1 \times F_1$ ) e  $RC_2$  ( $P_2 \times F_1$ ) (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

A partir da análise das gerações segregantes é possível estimar os parâmetros genéticos essenciais, como o coeficiente de herdabilidade (sentido amplo ou restrito), os componentes de variância genética, interações entre os coeficientes de variância genética por variância ambiental, e a identificação dos efeitos atribuídos aos fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos é de extrema importância para o melhorista, pois permite conhecer a estrutura genética de uma população e auxilia na tomada de decisão, na predição de ganhos e viabilidade das estratégias de seleção (HAMAWAKI et al., 2012; MATSUO et al., 2012).

No processo de seleção, é importante conhecer a natureza e a grandeza dos efeitos gênicos que controlam determinado caráter. Quando existe variância aditiva, constitui-se em uma predição de ganhos vantajosos no processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A variabilidade fenotípica resulta na interação entre os efeitos genéticos e do ambiente, possibilitando a predição dos ganhos de seleção e a definição das estratégias de melhoramentos a serem adotadas (BORÉM; MIRANDA, 2017).

Nas plantas autógamas como a soja, através das populações segregantes é possível estimar os parâmetros genéticos como a herdabilidade (BALDISSERA et al. 2014). Para o estudo de herança genética é necessário realizar cruzamentos controlados, utilizando genitores homozigotos distintos para determinada característica, que originam os híbridos  $F_1$ , e na geração  $F_2$  ocorre alta segregação, a partir de sucessivas gerações pode-se alcançar a homozigose completa (RAMALHO et al., 2012).

O coeficiente de herdabilidade ( $H^2$ ) se refere à proporção entre a variância genética e a variância fenotípica, e é um dos parâmetros genéticos mais úteis para os melhoristas (VENCOVSKY; BARRIGA 1992; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Este parâmetro está totalmente correlacionado aos ganhos de

seleção, sendo que, quanto maior a herdabilidade de um caráter, maior a chance de êxito na seleção.

A herdabilidade pode apresentar valores de zero a um. Quando a herdabilidade é igual a um, significa que toda a variação expressa pelo genótipo é de natureza genética, e igual a zero, a variação entre indivíduos é exclusivamente de natureza ambiental (CRUZ, 2005). Esses valores podem ser aumentados através da introdução de mais variação genética na população, contudo pelo melhoramento em condições experimentais, pode-se reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total.

Existem dois tipos de herdabilidade, a no sentido amplo e a no sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo é a razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica, e no sentido restrito, constitui-se na razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996). A herdabilidade pode variar de acordo com o tipo de características agrônomicas e de fatores como o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BORÉM; MIRANDA, 2017).

Estudo realizado por Mattos (2018), visando estimar a herança de caracteres relacionados à produtividade e caracteres agrônomicos em 92 genótipos de soja na geração F<sub>2</sub>, considerando a herdabilidade no sentido amplo, encontraram coeficientes de herdabilidade variando de médios a altos, variando de 80,68 para número de nós na maturação a 96,82 % para número de dias na floração.

O número de genes representa o tipo de herança responsável pelo controle de um caráter, podendo ser de natureza poligênica, oligogênica e monogênica (LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005). Quanto maior o número de genes de um caráter, maior será o número de combinações genotípicas possíveis na população e para conseguir a homozigose completa novamente e será exigido também um maior número de gerações (BALDISSERA et al., 2014).

## **5. Ganhos por seleção**

### **5.1. Seleção direta**

Os caracteres de importância, majoritariamente quantitativos, apresentam herança complexa, dessa forma a seleção de indivíduos ou progênes superiores constitui-se uma tarefa bastante complicada, além de serem bastante influenciados pelo ambiente. Normalmente, esses caracteres estão inter-relacionados, em magnitude e sentido, de modo que a seleção em um altera o outro. Dessa forma, a quantificação de ganhos, diretos e indiretos, e a identificação de genótipos superiores para novos ciclos de seleção são de fundamental importância para o melhoramento genético (CRUZ, 2006).

A seleção direta constitui-se na obtenção de ganhos máximos em um único caráter no qual se pratica a seleção e, dependendo da relação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas positivas ou negativas nos caracteres de importância secundária, que não foram analisados no processo de seleção (CRUZ, 2013).

Nos programas de melhoramento, é essencial realizar a seleção dentro de uma população-base, composta por indivíduos geneticamente variáveis e o uso de material selecionado para a formação de novas populações, para realizar a comparação entre a população nova e a população-base. Para que isso aconteça, é determinado o avanço conseguido com a seleção, que depende da quantidade de variabilidade genética da população-base e da magnitude dos efeitos que a mascaram (componentes ambientais e de interação). Estima-se o ganho esperado com a seleção, ou o que ocorrerá na geração seguinte, quando não há informações sobre a população-base, por meio dos componentes de variância disponíveis (SILVEIRA et al., 2006; HAMAWAKI et al., 2012).

O ganho de seleção está correlacionado com o diferencial de seleção, ou seja, a diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Desse modo, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial de seleção. Mas, uma alta pressão de seleção pode provocar um risco de redução severa da variabilidade genética. O ganho se baseia em diferenças genéticas, assim uma maior heterogeneidade da população aumenta as chances de ganho com seleção. O ambiente é outro fator que impede o ganho obtido por seleção (FARIAS, 2008).

A interação genótipos x ambientes atrapalha de forma significativa a seleção de progênes, a estimativa dos componentes de variância genética e consequentemente do ganho de seleção. A interação do tipo complexa entre as progênes de um programa de

melhoramento pode não garantir a seleção de genótipos superiores para cada ambiente em particular (RAMALHO et al., 2012).

## **5.2. Correlação entre caracteres**

A relação existente entre caracteres de interesse econômico, como as correlações, é de grande importância ao melhorista para o processo de seleção de genótipos superiores. Objetiva-se melhorar um caráter principal, e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012). A seleção é dificultada quando um dos caracteres apresenta baixa herdabilidade ou problemas de mensuração, desse modo, se faz o uso da seleção indireta por meio de outra característica que tenha alta herdabilidade, e consequentemente, alta correlação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2011).

O conhecimento da correlação entre caracteres é fundamental para identificar traços que podem ser utilizados na seleção indireta. Podem existir três correlações entre dois caracteres, a fenotípica, genotípica ou de natureza ambiental, sendo que somente as correlações genotípicas que são associadas a uma natureza herdável são de maior interesse para o melhoramento (NOGUEIRA et al., 2012).

De acordo com Falconer e Mackay (1996), a correlação genética é causada pela pleiotropia, e pela ligação gênica. Os estudos de correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais na cultura da soja têm se direcionado às avaliações dos caracteres coletados desde o florescimento até a maturação, com destaque para a produtividade e seus componentes (AKHTER; SNELLER, 1996; TAWARE et al., 1997; WILCOX; SHIBLES, 2001; CARVALHO et al., 2002).

Ao avaliar as correlações em 90 genótipos de soja ao longo de duas épocas de semeadura, Nogueira et al. (2012) concluíram que o número total de vagens por planta e o número de nós na haste principal poderia ser utilizado como base para seleção indireta para a produtividade de grãos de soja. Silva et al. (2014) apontou que o efeito de número total de vagens na soja e o rendimento de grãos é baseado no efeito indireto do número de sementes por planta.



### 5.3.Índice de seleção

Os programas de melhoramento têm como finalidade desenvolver cultivares superiores, assim, é necessário que todos ou a maioria reúna características agronômicas favoráveis. Portanto, os índices de seleção proporciona um critério de seleção simultânea de várias características desejáveis, aumentando as chances de sucesso do programa. Os índices de seleção são técnicas multivariadas, que permitem estimar um valor numérico, que combina com os caracteres de interesse selecionados simultaneamente (REZENDE et al., 2014).

Existem diferentes metodologias de índices de seleção que possibilitam alternativas de seleção e, conseqüentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (REZENDE et al., 2014). Usualmente, os índices de seleção utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice de Pesek e Baker (1971), índice base de Williams (1962), índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), e índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013).

O índice baseado na distância genótipo-ideótipo viabiliza a definição dos valores ótimos para cada variável, assim como o intervalo de valores considerados favoráveis para o melhoramento, sendo que em cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores. Outro índice de seleção de destaque é o índice de soma de “ranks” proposto por Mulamba & Mock (1978), que classifica os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (CRUZ, 2013; REZENDE et al., 2014).

Bizari et al. (2017), ao compararem diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja, dentre eles: seleção direta, índice baseado na soma de “ranks”, índice clássico de Smith & Hazel, índice base de Williams, índice baseado nos ganhos desejados de Pesek & Baker e índice da distância genótipo-ideótipo, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou os ganhos mais favoráveis ao estudo.

## REFERÊNCIAS

- AKHTER, M.; SNELLER, C. H. Yield and yield components of early maturing soybean genotypes in the mid south. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 877-882, 1996.  
<https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X0036000400010x>
- 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. 2001.  
<https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.1.97B>
- ALMEIDA, R.D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Ciência e Agrotecnologia**, Fortaleza, CE, v. 42, p. 108-115, 2011.
- ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; PIPOLO, A. E.; CARNEIRO, G. E. S.; ABDELNOOR, S.V.; RACHID, B. F.; RIBEIRO, A. S. 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, 2008.
- ARIAS, C. A. A.; RIBEIRO, A. S.; YORINORI, J. T.; BROGIN, R. L.; OLIVEIRA, M. F.; TOLEDO, J. F. F. Inheritance of resistance of soybean to rust (*Phakopsora pachyrhizi* Sidow). In: MOSCARDI et al. (eds). VII World Soybean Research Conference; IV International Soybean Processing and Utilization Conference; III Congresso Brasileiro de Soja, Foz do Iguassu. **Abstracts of contributed papers and posters**, Londrina: Embrapa soybean, 2004. p. 100.
- BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L.; BRASIL, E.; BUENO, C.; RICARDO, H.; EPIPHANIO, P.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Garça, SP, Ano X, n. 20, 2011.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Journal of Agroveterinary Sciences**, Lages, SC, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BANDYOPADHYAY, R., P. S. OJIAMBO, M. TWIZEYIMANA, B. ASAFO-ADJEL, R. D. FREDERICK, K. F. PEDLEY, C. L. STONE, AND G. L. HARTMAN. First Report of Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* in Ghana. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, n. 8, p. 1057-1057, 2007.  
<https://doi.org/10.1094/PDIS-91-8-1057B>
- BENNO, B. K.; FILTER, C. F.; SANTOS, C. E.; CARVALHO, C. **Anuário brasileiro da soja 2018**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2018. 104 p.
- BEZERRA, A. R. G., SEDIYAMA, T., BORÉM, A., SOARES, M. M., Importância econômica. In: SEDIYAMA, T., SILVA, F., BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 09-26.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; & UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.  
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

BLACK, R. J. Complexo soja: fundamentos, situação atual e perspectivas. In: CÂMARA, G. M. S. (ed.). **Soja: tecnologia da produção II**. Piracicaba: ESALQ, LPV, 2000. p. 1-18.

BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. **A soja no Brasil: história e estatística**. Londrina: EMBRAPA, CNPSo, 1987. 61 p.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (eds.). **A soja no Brasil**, Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, p. 1-16, 1981.

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**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV. 2017. 523 p.

CÂMARA, G. M. de S. **Introdução ao agronegócio soja**. USP/ESALQ – Departamento de Produção Vegetal, [s.l.], 2015.

CAMOLESE, A. C.; BOTELHO, L.; PINHEIRO, M.; FRAGA, T. R.; MAIA, M. S.; RINCÃO, M. P.; ABDELNOOR, R. V. **Ranqueamento de populações de soja quanto à resistência a *Phakopsora pachyrhizi***. In: VII Jornada Acadêmica da Embrapa Soja. Londrina: Embrapa Soja, 2012. p. 158-165. Disponível em: [https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/Jornada\\_Acad%C3%AAmica\\_2012.pdf/83a34685-7e24-4c50-a942-b1cb40bdcfe9](https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/Jornada_Acad%C3%AAmica_2012.pdf/83a34685-7e24-4c50-a942-b1cb40bdcfe9). Acesso em: 13 jan. 2019.

CÁRCAMO-RODRÍGUEZ, A., J.; AGUILAR-RÍOS; HERNÁNDEZ, J. R. First Report of Asian Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* from Mexico. **Plant Disease**, St. Paul, v. 90, n. 9, p. 1260-1260, 2006.  
<https://doi.org/10.1094/PD-90-1260B>

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; VELLO, N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, 2002.  
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000300012>

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19, Terceiro levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento** v. 6, Brasília, p. 1-127, 2018. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 04 jan 2019.

COSTAMILAN, L. M., BERTAGNOLLI, P. F.; YORINORI, J. T. Perda de rendimento de grãos de soja causada por ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 27, p. 100, 2002.

- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Editora UFV, Viçosa, 2005, 394 p.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES: Biometria**. 1. ed. Editora UFV, Viçosa, 2006, 382p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- ESPOLADOR, F. G. **Reação à ferrugem de linhagens obtidas de cruzamentos entre genitores adaptados e exóticos de soja**. Dissertação (Mestrado) – USP/ Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2016. 66 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.
- FARIAS, G. J. Avaliação de progênies F2:4 de uma população de soja e perspectiva de melhoramento. 62f. (Msc Thesis) – University of São Paulo, Piracicaba, Brazil, 2008.
- FEDERAÇÃO DA AGRICULTURA DO RIO GRANDE DO SUL. **Relatório econômico 2018 e perspectiva 2019 - SISTEMA FARSUL**. Porto Alegre, RS, [s.n], 2018.
- GODOY, C. V.; BUENO, A. F.; GAZZIERO, D. L. P. Brazilian soybean pest management and threats to its sustainability. **Outlooks Pest Management**. Londrina, v. 26, p. 113-117, 2015.  
[https://doi.org/10.1564/v26\\_jun\\_06](https://doi.org/10.1564/v26_jun_06)
- GODOY, C.V.; ALMEIDA, A.M.R.; COSTAMILAN, L.M.; MEYER, M.; DIAS, W.P.; SEIXAS, C.D.S.; SOARES, R.M.; HENNING, A.A.; YORINORI, J.T.; FERREIRA, L.P.; SILVA, J.F.V.; Doenças da soja. In: AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (Org.). **Manual de Fitopatologia: Doenças das Plantas Cultivadas**. 5. ed. São Paulo: Ceres, 2016, v. 2, p. 657-675.
- GOELLNER, K. LOEHRER M, LANGENBACH C, CONRATH U, KOCH E, SCHAFFRATH U. *Phakopsora pachyrhizi*, the causal agent of Asian soybean rust. **Molecular Plant Pathology**, England, v. 11, n. 2, p.169-177, 2010.  
<https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2009.00589.x>
- HAMAWAKI, O.T., SOUSA, L.B., ROMANATO, F.N., NOGUEIRA, A.P.O., SANTOS JÚNIOR, C.D., POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Piauí, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.
- HARTMAN, G.L.; SIKORA, E.J.; RUPE, J.C. Rust. In: HARTMAN, G.L.; RUPE, J.C.; G.L.; SIKORA, E.J.; DOMIER, L.L.; DAVIS, J.A.; STEFFEY, K.L. **Compendium of soybean diseases**. 5th. Ed. Saint Paul: APS Press, p. 56-59, 2015.
- HARTMAN, G. L.; TWIZEYIMANA, M.; MILES, M. R.; BANDYOPADHYAY, R. Interaction of soybean and *Phakopsora pachyrhizi*, the cause of soybean rust. **CAB**

**Reviews:** Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources, Illinois, USA, v. 6, n. 25, p. 13. 2011.

<https://doi.org/10.1079/PAVSNNR20116025>

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. *In*: BOERMA, H. R.; SPECHT, J. E. (eds.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, p. 97-136, 2004.

KAWUKI, R. S., E. ADIPALA, AND P. TUKAMUHABWA. Yield loss associated with soya bean rust (*Phakopsora pachyrhizi* Syd.) in Uganda. **Journal of Phytopathology**, Kampala, Uganda, v. 151, p. 7-12. 2003.

<https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2003.00668.x>

KILLGORE, E.; R. HEU. First report of soybean rust in Hawaii. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 78, p. 1216, 1994.

<https://doi.org/10.1094/PD-78-1216B>

LIMA, W. F.; PRETE, C. E. C.; RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F. Resistência da soja à ferrugem asiática avaliada pela análise da produtividade de grãos. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0100-54052012000100012>

LEVY, C. Epidemiology and chemical control of soybean rust in Southern Africa. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, p. 669-674, 2005.

<https://doi.org/10.1094/PD-89-0669>

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 343-349, 2005.

<https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002>

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Cultivares - Exemplo para Ensaio de DHE**. 2009. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumosagropecuarios/insumosagricolas/proteca-o-de-cultivar/agricolas>. Acesso em: 18 fev 2019.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Cultivares registradas**. Disponível em: [http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares\\_registradas.php](http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php). Acesso em: 15 jan 2019.

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.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T.; CADORE, L. R. Estimativas de parâmetros genéticos, do tamanho ótimo da amostra e conversão de dados quantitativos em multicategóricos para genótipos de soja. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 34, n. 3, p. 265-273, 2012.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; FERREIRA, S. da C. GLASENAPP, J. S. Híbridação. *In*: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenass, 2015, p. 57-72.

MATTOS, T. P. **Herança da produtividade e caracteres agrônômicos**. 74 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil. 2018.

MAWUENA, G. Preliminary observations on soybean rust incidence in Togo. **Soybean Rust Newsletter**, [s.l.], v. 5, p. 20-21, 1982.

MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, A. A.; PRETE, A. E. C.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; TOLEDO, J. F. F.; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-369, 2007.  
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000300009>

MOREL, W.; YORINORI, J. T.. **Situación de la roya de la soja en el Paraguay**. Centro Regional de Investigación Agrícola - CRIA, Capitan Miranda, (Boletín Divulgativo), v. 44, p. 4, 2002.

NAVARRO, J. C.; NAKASATO, R.; UTIAMADA, C. M.; YORINORI, J. T. **First report of Asian soybean rust in Bolivia**. World Soybean Research Conference, VII International Soybean Processing and Utilization Conference, III Brazilian Soybean Congress, Foz do Iguaçu, PR, p. 85- 86, 2004.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, 2011.

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

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Caracteres Qualitativos. *In*: Tuneo Sediya. (org.). **Melhoramento Genético da Soja**. 1. ed. Londrina: Mecenass, v. 1, p. 33-56, 2015.

NOGUEIRA, A. P. O., SEDIYAMA, T., DE SOUSA, L. B., HAMAWAKI, O. T., CRUZ, C. D., PEREIRA, D. G., MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, 2012.

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.  
[https://doi.org/10.1016/S0953-7562\(09\)81029-0](https://doi.org/10.1016/S0953-7562(09)81029-0)

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; SOUZA, C. S.; SOUZA, C. M. M. S.; FERNANDES, L. S. Parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 45, n.7, p. 709-714, jul, 2010.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000700011>

PHAM, T.A., MILES, M.R., FREDERICK, R.D., HILL, C.B.; HARTMAN, G.L. Differential responses of resistant soybean entries to isolates of *Phakopsora pachyrhizi*. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 93, p. 224–228, 2009.

<https://doi.org/10.1094/PDIS-93-3-0224>

PÍPOLO, A. E.; ARIAS, C. A. A.; CARNEIRO, G. E. de S.; TOLEDO, J. F. F. de; OLIVEIRA, M. de F.; CARRÃO-PANIZZII, M. C.; KASTER, M.; ABDELNOOR, R. V.; MOREIRA, J. U. V. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja**. Londrina: Circular Técnica 52, 10 p. 2007.

PRETORIUS, Z. A., F. J. KLOPPERS.; FREDERICK, R. D. First report of soybean rust in South Africa. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 85, n. 12, p. 1288. 2001.

<https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.12.1288C>

PRIOLLI, R. H. G.; PINHEIRO, J. B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M. M.; VELLO, N. A. Genetic Diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 53, n. 3, p 519-531, 2010.

<https://doi.org/10.1590/S1516-89132010000300004>

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**, Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

RAY, J. D.; SMITH, J. R.; MOREL, W.; BOGADO, N.; WALKER, D. 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.

<https://doi.org/10.1080/15427528.2011.555833>

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, E A. C. R. Ferrugem da soja: revisão e aspectos técnicos. In: REIS, E. M. (Ed.). **Doenças na Cultura da Soja**. Aldeia Norte, Passo Fundo. p. 55-70. 2004.

REIS, E. M., CASA, R. T.; MICHEL, E C. Ocorrência de epidemia da ferrugem da soja no Rio Grande do Sul na safra 2001/2002. **Fitopatologia Brasileira**, [s.l.], v. 27, p. 198, 2002.

REIS, E. M.; BRESOLIN, A. C. R.; CARMONA, E. M. Doenças da soja. In: **Ferrugem asiática**. Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo: UPF, 2006.



REZENDE, J.C., BOTELHO, C.E., OLIVEIRA, A.C.B., SILVA, F.L., CARVALHO, G.R., PEREIRA, A.A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, p. 347-353, 2014.

ROSSI, R. L. First report of *Phakopsora pachyrhizi*, the causal organism of Soybean Rust in the province of Misiones, Argentina. **Plant Disease**, Santa Fe, Argentina, v. 87, p. 102. 2003.

<https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.1.102A>

SEDIYAMA, T., MATSUO, E., OLIVEIRA, R. C. T., GLASENAPP, J. S. Origem e evolução. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina, Editora Mecenas, 2015. 352p.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. **A soja**. 1. ed. Londrina: Editora Mecenas LTDA, v. 1, p. 11-18, 2016.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. 333 p.

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: Mecenas, 2009, p. 1-5.

SCHNEIDER, R. W.; HOLLIER, C. A.; WHITAM, H. K. First report of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* in the continental United States. **Plant Disease**, Louisiana, v. 89, n. 7, p. 774, 2005.

<https://doi.org/10.1094/PD-89-0774A>

SILVA, N. S. **Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja sob infecção natural por ferrugem, sem fungicida**. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. 133 f. : il. 2018.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. C. S.; BEZERRA, A. R. G. Correlation and path analysis of soybean components. **International Journal Plant Animal Environmental Sciences**, Viçosa, MG, v. 5, p. 177-179, 2014.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP (Ano agrícola 2003-2004). **Científica**, Jaboticabal, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.

SOTOMAYOR-HERRERA, I. A. **La roya de la soya, estrategias de manejo**. INIAP-Pichilinge, Quevedo, (Boletín divulgativo, 330), 8 p, 2005.

STEWART, S.; GUILLIN, E. A.; DIAZ, L. First Report of Soybean Rust Caused by *Phakopsora pachyrhizi* in Uruguay. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, n. 8, p. 909, 2005.



<https://doi.org/10.1094/PD-89-0909C>

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

TECNOLOGIAS de produção de soja: Região Central do Brasil 2014. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265p. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/95489/1/SP-16-online.pdf>. Acesso em: 04 jan 2019.

UNFRIED, J. R.; BRAGA, N. R. Os desafios da soja tropical no Brasil. **Boletim de Pesquisa de Soja**, 2011. Fundação MT, p. 23-43, 2011.

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.

VASCONCELOS, E.S., FERREIRA, R.P., CRUZ, C.D., MOREIRA, A., RASSINI, J.B., FREITAS, A.R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, p. 205-210, 2010.  
<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496 p.

WALKER, D. R., HARRIS, D. K., KING, Z. R., LI, Z., PHILLIPS, D. V., BUCK, J. W., NELSON, R. L., BOERMA, H. R. Soybean germoplasm accession seeding reactions to soybean rust isolates from Georgia. **Crop Science**, [s.l.], v. 54, p. 1433-1447, 2014.  
<https://doi.org/10.2135/cropsci2013.09.0654>

WILCOX, J. R. SHIBLES, R. M. Interralationships among seed quality attributes in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 11-14, 2001.  
<https://doi.org/10.2135/cropsci2001.41111x>

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.  
<https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>

YUYAMA, M. M.; SIQUERI, F. V.; JÚNIOR, I. P. de A. In: ALMEIDA et al. (Eds.) **Boletim de Pesquisa 2017/2018**. Cuiabá: Fundação MT, p. 212-261, 2018.

YÁÑEZ-MORALES, M. A.; MARTÍNEZ-ALANIS I. DE JESÚS.; SOTO ROCHA, M. J.; MALVICK, D. K.; KURLE, J. E.; FLOYD, C. M.; KRUPA, S. V. 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. 2009.  
<https://doi.org/10.1094/PDIS-93-8-0847A>

YORINORI, J. T.; MOREL, P. W.; FREDERICK, R. D.; COSTAMILIAN, L. M.; BERTAGNOLLI, P. F. Epidemia de ferrugem da soja (*Phakopsora pachyrhizi*) no Brasil

e no Paraguai, em 2001 e 2002. **Fitopatologia Brasileira**, Recife, PE, v. 27, p. 178, 2002a.

YORINORI, J. T.; PAIVA, W. M.; FREDERICK, R. D.; FERNANDEZ, P. F. T. Ferrugem da soja (*Phakopsora pachyrhizi*) no Brasil e no Paraguai, nas safras 2001/01 e 2001/02. **Anais...** Congresso Brasileiro de Soja 2002, Londrina: Embrapa Soja, v. 94, 2002b.

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.

## **CAPÍTULO II. Análise de gerações para caracteres agronômicos e severidade da ferrugem asiática em população segregante F<sub>2</sub> e retrocruzamentos em soja**

### **RESUMO**

O desenvolvimento de populações segregantes com genitores resistentes à ferrugem asiática tem sido alvo dos programas de melhoramento de soja. Dada a importância econômica da doença para a cultura, estimar parâmetros genéticos nestas populações auxilia o melhorista no processo seletivo. Nesse contexto, objetivou-se neste estudo avaliar parâmetros genéticos e estimar ganhos de seleção em duas combinações envolvendo genitores com resistência à ferrugem asiática. O experimento foi realizado em casa de vegetação e em campo na área do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, no município de Uberlândia – MG. As populações segregantes foram obtidas em casa de vegetação a partir de cruzamentos biparentais entre as cultivares UFUS 6901 com TMG 801 (F<sub>2</sub>-A) e UFUS 6901 com BRSGO 7560 (F<sub>2</sub>-B). As sementes F<sub>2</sub>, retrocruzamentos e parentais foram semeadas em campo, adotando semeadura em covas, 0,5 m entre linhas e 0,3 m entre plantas. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta, número de nós e número de dias para maturidade, respectivamente; número de vagens totais, severidade da ferrugem e produção de grãos. Foram estimadas as variâncias fenotípicas, ambientais, genotípicas e aditivas, a herdabilidade no sentido amplo e restrito e o número de genes envolvidos para cada caráter, em seguida foram selecionados 20% dos melhores genótipos e estimado o ganho de seleção. As duas combinações possibilitaram estimar parâmetros genéticos e indicaram variabilidade nas populações segregantes F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>. Foi obtida alta herdabilidade no sentido amplo somente para a combinação F<sub>2</sub>-A para os caracteres de altura de planta na maturidade e número de dias para maturidade, que foi de 75,09% e 81,48%, respectivamente. A herdabilidade no sentido restrito foi alta para a combinação F<sub>2</sub>-A de 99,25% e 93,25% para os caracteres número de dias para a maturidade e produção de grãos, respectivamente. A combinação F<sub>2</sub>-B apresentou valores de herdabilidade no sentido restrito variando de 111,27% a 131,27% para severidade da ferrugem e número de dias para maturidade, respectivamente. A combinação F<sub>2</sub>-A possibilitou a seleção de indivíduos superiores quanto à produção de grãos e a combinação F<sub>2</sub>-B para severidade da ferrugem.

**Palavras-chave:** *Glycine max*, variabilidade genética, herdabilidade.

## **CHAPTER II. Family analysis for agronomic traits and severity of Asian rust in F<sub>2</sub> segregating population and backcrossing in soybean**

### **ABSTRACT**

The development of segregating populations with genitors resistant to Asian rust has been the goal of soybean breeding programs. Given the economic importance of the disease to the culture, estimating genetic parameters in these populations helps the improver in the selective process. In this context, the objective of the present study was the evaluation of genetic parameters and the gain estimate of selection in two combinations involving genitors resistant to Asian rust. The experiment was performed in a greenhouse and in a field at the area of UFU Soy Improvement Program, in the city of Uberlândia - MG. The segregating populations were obtained in a vegetation house parting from biparental crossings of the cultivars UFUS 6901 with TMG 801 (F<sub>2</sub>-A) and UFUS 6901 with BRSGO 7560 F<sub>2</sub>-B). The F<sub>2</sub> Seeds, backcrossings and parentals were so wed in field, adopting seeding in pits, with 0.5m between lines and 0.3m between plants. The following characters were evaluated: plant height, number of knots and number of days to maturity, respectively; total pods number, severity of rust and grain yield. The following variances were estimated: phenotypic, environmental, genotypic and additive, heritability in the broad and restrict senses and the number of genes involved in each character. Following this, 20% of the best genotypes were selected and the selection gains were estimated. Both combinations allowed the estimative of genetic parameters and indicated variability to the segregating populations F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> and RC<sub>2</sub>. It was obtained heritability in the broad sense, elevated only to the combination F<sub>2</sub>-A in the characters plant height in maturity and number of days to maturity, which were 75,09% and 81.48%, respectively. The heritability in the restrict sense was high for the combination F<sub>2</sub>-A, of about 99.25% and 93.25% for the characters number of days to maturity and grain yield, respectively. The combination F<sub>2</sub>-B presented values of heritability in the restricted sense ranging from 111.27% to 131.27% for the severity of rust and number of days to maturity. The F<sub>2</sub>-A combination all owed the selection of superior individuals regarding grain yield and the F<sub>2</sub>-B combination for the severity of rust.

**Keywords:** *Glycine max*, genetic variability, heritability.

## 1. INTRODUÇÃO

A soja atingiu o topo do agronegócio brasileiro, apoiada em programas de desenvolvimento de pesquisa, que proporcionaram a geração de um complexo tecnológico e de conhecimentos fundamentais para a obtenção de altos índices de produtividade. Nesse contexto, o país assumiu o segundo lugar como produtor mundial do grãos (HIRAKURI, 2014).

Apesar de a produção nacional indicar elevado potencial de produtividade, a ocorrência constante de estresses bióticos e abióticos afetando a cultura em quase todo o país tem gerado significativas perdas produtivas. Entre os estresses bióticos, destaca-se a ferrugem asiática da soja (FAS), causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow). No Brasil, os custos de produção da soja no controle da FAS perfazem cerca de 5% do total. O controle químico é o método mais utilizado no manejo da doença, contudo, as perdas não são totalmente evitadas (HIRAKURI, 2014; CAMOLESE et al., 2012).

O uso de cultivares resistentes é o método de controle mais eficiente para os produtores, além de ser sustentável, está entre os objetivos dos programas de melhoramento genético que também buscam por cultivares precoces e mais produtivos (SPEHAR et al., 2014).

No processo inicial do melhoramento, o sucesso do programa pode ser definido por meio da obtenção das melhores combinações híbridas, uma vez que a variabilidade genética existente na população segregante deve ser elevada, principalmente para caracteres quantitativos, como a produtividade de grãos (AKRAM et al., 2016).

Assim, o conhecimento da variabilidade genética nos programas de melhoramento permite a seleção de genótipos que resultem em uma população com maior proporção de recombinantes desejáveis. Para os melhoristas, interessa a obtenção de variabilidade que efetivamente origine em ganhos genéticos significativos (MUNIZ, 2007; VASCONCELOS et al., 2015).

No estudo de gerações precoces, estimar os parâmetros genéticos é de fundamental importância para que se possa direcionar o programa de melhoramento em relação ao processo de seleção dos genótipos mais promissores. Para os melhoristas, um dos parâmetros genéticos mais importantes é a herdabilidade, pois possibilita prever o grau de sucesso com a seleção, o que representa a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (RAMALHO et al., 2012).

Nesse contexto, objetivou-se neste estudo avaliar parâmetros genéticos e estimar ganhos de seleção em duas combinações envolvendo genitores com resistência à ferrugem asiática.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi realizado na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia-MG (18°52' S; 48°20' W e 805 m de altitude), no campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja.

### 2.2. Escolha dos genitores

Inicialmente, realizou-se a escolha dos genitores no intuito de desenvolver populações segregantes para tolerância à ferrugem asiática da soja (*P. pachyhizi* Sydow & Sydow) e para precocidade (TABELA 1).

TABELA 1. Descrição das cultivares utilizadas na obtenção da população segregante.

Genótipos	Resistência	GM	CF	CH	CP
UFUS 6901	S - <i>P. pachyhizi</i>	7,0	Branca	Marrom	Marrom Claro
TMG 801	R - <i>P. pachyhizi</i>	8,2	Roxa	Preta	Marrom
BRSO 7560	R - <i>P. pachyhizi</i>	7,5	Roxa	Preta	Marrom

R: resistente; S: suscetível; GM: grupo de maturidade; CF: cor de flor; CH: cor de hilo; CP: cor da pubescência. Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; Tropical Melhoramento Genético – TMG.

Após a escolha dos genitores, foram desenvolvidas populações segregantes, meio de cruzamentos biparentais e retrocruzamentos. A genealogia para cada população e retrocruzamentos estão dispostos na TABELA 2.

TABELA 2. Genealogia das populações desenvolvidas, com seus respectivos códigos.

População	Genealogia
F <sub>1</sub> -A	UFUS 6901 x TMG 801
F <sub>1</sub> -B	UFUS 6901 x BRSGO 7560
F <sub>2</sub> -A	AUTOFECONDAÇÃO F <sub>1</sub> -A
F <sub>2</sub> -B	AUTOFECONDAÇÃO F <sub>1</sub> -B
RC <sub>1</sub> -A	F <sub>2</sub> -A x UFUS 6901
RC <sub>2</sub> -A	F <sub>2</sub> -A x TMG 801
RC <sub>1</sub> -B	F <sub>2</sub> -B x UFUS 6901
RC <sub>2</sub> -B	F <sub>2</sub> -B x BRSGO 7560

### 2.3. Obtenção das gerações

O bloco de cruzamento foi realizado em casa de vegetação, onde os parentais foram semeados de forma escalonada a cada três dias a partir do dia 27 de julho de 2017, visando favorecer o período de floração para a realização das hibridações e também para a sincronia de florescimento entre os genitores femininos e masculinos.

A semeadura foi realizada em vasos com volume de 3 dm<sup>3</sup>, previamente preparados com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica, no qual foram semeadas quatro sementes por vaso, a 3 cm de profundidade de semente.

No estágio V1 (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas (FEHR & CAVINESS, 1977)) foi feito o desbaste e mantidas as duas plantas mais vigorosas em cada vaso. No estágio V5 (quarta folha trifoliolada completamente desenvolvida (FEHR & CAVINESS, 1977)), foram retirados os meristemas apicais das plantas para estimular ramificações e evitar o estiolamento.

Foram realizadas adubações a cada 15 dias com NPK na formulação 02-18-12 e do composto nitrogenado Mono-amônio-fosfato (MAP). Os vasos receberam duas irrigações diárias, tratos culturais e fitossanitários, como limpeza dos vasos, aplicação de fungicidas e inseticidas. A temperatura local durante os meses de condução do experimento está registrada na FIGURA 1.



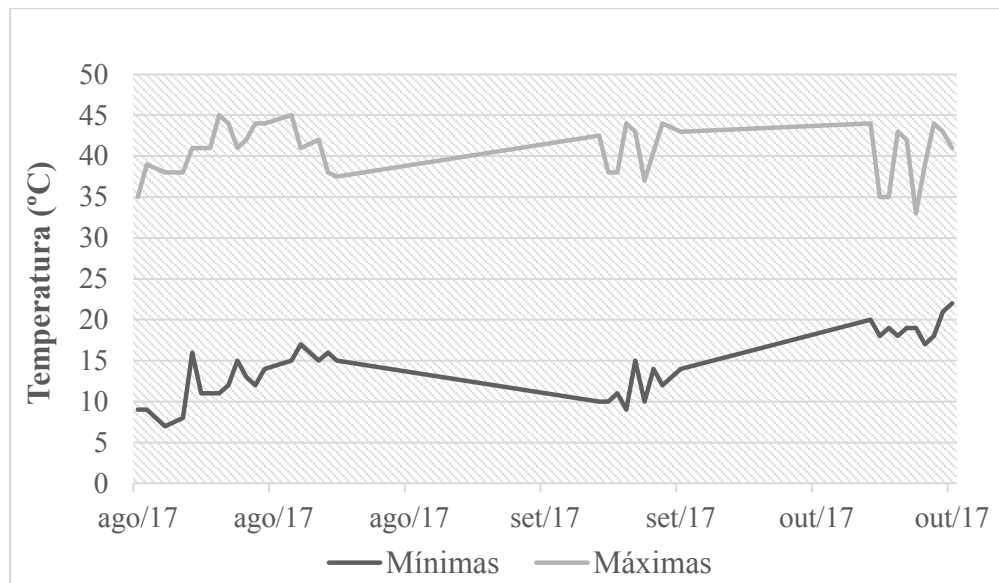


FIGURA 1. Temperatura máxima e mínima ao longo dos meses de agosto a outubro de 2017, na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco, Uberlândia – MG.

O procedimento de hibridação artificial foi realizado por meio da técnica de emasculação da flor utilizada como genitor feminino antes que ocorresse a autofecundação. Coletou-se o pólen do genitor masculino, que foi aplicado sobre o estigma da flor emasculada, de acordo com especificações de Borém (2009).

A cultivar UFUS 6901 foi utilizada como genitor feminino por possuir cor de flor branca, enquanto que as cultivares TMG 801 e BRSGO 7560, com cor de flor roxa, foram utilizadas como genitores masculinos nas hibridações artificiais. Foram obtidas 68 sementes  $F_1$  para a primeira combinação entre UFUS 6901 e TMG 801 e 82 sementes para a segunda combinação entre UFUS 6901 e BRSGO 7560. Foi utilizado marcador morfológico como a cor do hipocótilo para confirmar os híbridos obtidos.

Cada combinação de  $F_1$  foi retrocruzada com os seus respectivos parentais (TABELA 2). Após a maturação das plantas foi realizada a colheita manual das sementes  $F_2$  e dos retrocruzamentos.

#### 2.4. Condução das populações segregantes das gerações $P_1$ , $P_2$ , $F_2$ e RC à campo

As sementes da geração  $F_2$ , retrocruzamentos e dos parentais de ambas combinações foram semeadas em campo. O solo onde foi realizado o experimento é do tipo Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. Foi preparado de maneira

convencional, com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas.

A adubação de semeadura foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha<sup>-1</sup> de NPK da formulação 2-28-18 e posterior revolvimento do adubo com o solo. As sementes foram previamente tratadas com fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*.

A semeadura foi realizada no dia 18 de fevereiro de 2018. Cada geração foi semeada em covas, com espaçamento de 0,3 m entre plantas. Posteriormente, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacolor, dose 1,4 L ha<sup>-1</sup>) para o controle de plantas infestantes (capim-pé-de-galinha, trapoeraba, capim-colchão, caruru, capim marmelada, capim braquiária, joá-de-capote, erva quente). Durante o experimento foi realizada capina manual para controle das plantas infestantes.

No estágio V4 foi realizada uma adubação foliar com micronutrientes Cobalto e Molibdênio e adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 150 kg ha<sup>-1</sup> (FEHR & CAVINESS, 1977).

O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias, a partir da sua ocorrência em campo com o auxílio de bomba costal com volume de calda de 20 L, (TABELA 3).

TABELA 3. Produtos aplicados durante condução do experimento.

i.a.	Dose	Controle	Nº de Aplicações
Acefato	1,0 g ha <sup>-1</sup>	Inseticida	3
Lufenurom	150 mLha <sup>-1</sup>	Inseticida	2
Trifloxistrobina e Protioconazol	0,4 L ha <sup>-1</sup>	Fungicida	2

i.a.: ingrediente ativo.

Periodicamente, realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor, a cada três dias durante os dois primeiros meses do ciclo da soja (35 mm por 1 hora). Na FIGURA 2 estão representados os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento.

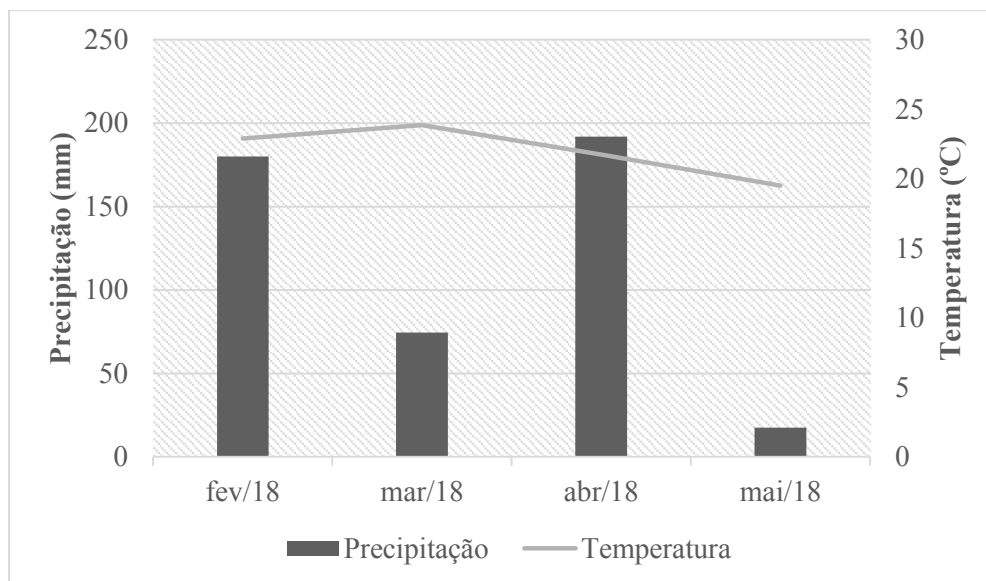


FIGURA 2. Temperatura média e precipitação nos meses de fevereiro a maio de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

Após o estágio R1, foi realizada a contagem das plantas sobreviventes para a obtenção dos dados fenotípicos. Foram analisados 75 indivíduos de UFUS 6901, 69 indivíduos de TMG 801, 80 indivíduos de BRSGO 7560, 288 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-A, 259 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-B, 23 indivíduos para o RC<sub>1</sub>, 25 indivíduos para o RC<sub>2</sub> da combinação F<sub>2</sub>-A e 33 indivíduos para o RC<sub>1</sub> e 22 indivíduos para o RC<sub>2</sub> da combinação F<sub>2</sub>-B.

## 2.5. Avaliações das gerações (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>2</sub> e RC)

De acordo com os estágios de desenvolvimento da cultura propostos por FEHR & CAVINESS (1977), foi-se avaliado em cada planta:

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8;
- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8), medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;
- Número de nós totais na maturidade (NNM): número de nós na haste principal até a data da maturidade no estágio R8;

- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;
- Produção de grãos por planta (PG): após a colheita, as plantas foram trilhadas manualmente, e seus grãos tiveram sua massa determinada em balança analítica, com quatro casas decimais.
- Severidade da Ferrugem Asiática (SEV): estimativa visual dos folíolos do terço médio de cada planta, a partir do estágio R1. A ferrugem asiática ocorreu de forma natural no campo. Para determinação da porcentagem de severidade da doença foi utilizada a escala diagramática proposta por Juliatti et al. (2009), como pode ser observado na FIGURA 3.

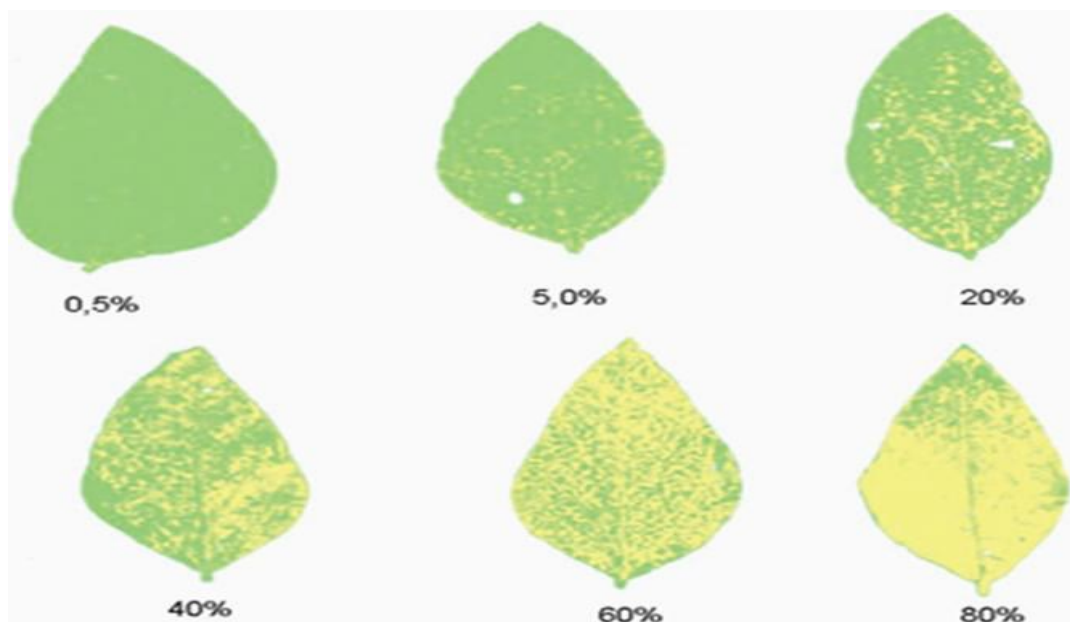


FIGURA 3. Escala diagramática para avaliar a severidade da ferrugem da soja (JULIATTI et al., 2009).

## 2.6. Análise estatística

A partir dos valores fenotípicos dos indivíduos das gerações de parentais, F<sub>2</sub> e de retrocruzamentos, foram estimados os parâmetros genéticos descritos a seguir (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

### - Variância genotípica

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ : variância genética da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$ : variância ambiental da população  $F_2$ .

#### - Variância ambiental

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(P_1)}^2 + \hat{\sigma}_{(P_2)}^2]$$

Em que:

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

$\hat{\sigma}_{(P_1)}^2$ : variância fenotípica do parental 1;

$\hat{\sigma}_{(P_2)}^2$ : variância fenotípica do parental 2.

#### Variância Fenotípica em $F_2$ :

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ : variância genética da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$ : variância ambiental da população  $F_2$ .

#### - Herdabilidade no sentido amplo

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2} \times 100$$

Em que:

$h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo;

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ : variância genética da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ .

**- Número de genes envolvidos na determinação do caráter**

$$\eta = \frac{R^2 (1 + 0,5k^2)}{8 \hat{\sigma}_g^2}$$

Em que:

$\eta$ : número de genes;

R: amplitude entre as médias dos progenitores ou R:  $\bar{P}_1 + \bar{P}_2$ ;

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética.

**- Predição de ganhos por seleção**

$$GS = DS \times h^2,$$
$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o \text{ e } GS\% = \frac{GS}{\bar{X}_o} \times 100$$

Em que:

GS: ganho de seleção;

$h^2$ : herdabilidade;

DS: diferencial de seleção;

$\bar{X}_s$ : média dos selecionados;

$\bar{X}_o$ : média da população  $F_2$ .

O ganho de seleção foi estimado aplicando intensidade de seleção de 20% dos genótipos avaliados e considerando o sentido da seleção inferior para os valores de NDM e SEV e superior para os demais caracteres avaliados.

A partir das variâncias das populações RC<sub>1</sub>, RC<sub>2</sub>, estimou-se o componente de variância aditiva e, conseqüentemente, obteve-se também a herdabilidade no sentido restrito. Por meio da análise de gerações, foram obtidas as seguintes estimativas relativas às populações segregantes RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>:

### **- Variância aditiva**

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{1}{2} a^2 = 2\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - [\hat{\sigma}_{f(RC_1)}^2 + \hat{\sigma}_{f(RC_2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(RC_1)}^2$ : variância fenotípica da população  $RC_1$ ;

$\hat{\sigma}_{f(RC_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $RC_2$ .

### **- Herdabilidade no sentido restrito**

$$h_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2}$$

Em que:

$h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;

$\hat{\sigma}_{a(F_2)}^2$ : variância aditiva na população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ .

As análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística – Programa GENES (CRUZ, 2016).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de médias e de variâncias dos parentais e das duas combinações F<sub>2</sub> e seus respectivos retrocruzamentos estão apresentados na TABELA 4.

TABELA 4. Médias e variâncias dos caracteres agronômicos em populações F<sub>2</sub> e retrocruzamentos em soja.

POPULAÇÃO A (UFUS 6901 x TMG 801)						
Caracteres		UFUS 6901	TMG 801	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
APM	$\bar{x}$	55,33	45,00	54,89	48,78	53,10
	$\hat{\sigma}^2$	76,18	16,41	185,84	327,90	138,37
NNM	$\bar{x}$	16,21	13,93	16,29	14,65	15,72
	$\hat{\sigma}^2$	5,68	2,74	12,66	15,33	8,38
NDM	$\bar{x}$	83,33	96,18	87,62	88,17	83,16
	$\hat{\sigma}^2$	4,68	23,65	76,54	73,88	3,31
NVT	$\bar{x}$	16,21	13,93	16,29	14,65	15,72
	$\hat{\sigma}^2$	5,68	2,74	12,66	15,33	8,38
SEV	$\bar{x}$	28,18	20,58	28,48	34,58	35,38
	$\hat{\sigma}^2$	64,70	76,28	105,75	90,02	115,74
PG	$\bar{x}$	21,56	35,53	28,35	26,66	27,78
	$\hat{\sigma}^2$	61,31	150,34	195,45	142,48	66,15
POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)						
Caracteres		UFUS 6901	BRSGO 7560	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
APM	$\bar{x}$	55,33	43,41	56,82	49,68	59,36
	$\hat{\sigma}^2$	76,18	50,24	192,72	228,90	126,34
NNM	$\bar{x}$	16,23	10,39	14,25	13,15	16,45
	$\hat{\sigma}^2$	5,42	1,48	7,68	11,94	3,49
NDM	$\bar{x}$	83,73	84,67	82,83	84,06	83,45
	$\hat{\sigma}^2$	4,68	19,08	31,09	15,87	5,49
NVT	$\bar{x}$	93,05	56,00	94,90	70,57	95,59
	$\hat{\sigma}^2$	1018,37	271,97	1523,38	901,88	917,11
SEV	$\bar{x}$	28,18	40,41	38,33	36,87	45,17
	$\hat{\sigma}^2$	64,70	171,76	185,08	49,37	114,85
PG	$\bar{x}$	21,56	16,04	24,34	19,19	22,68
	$\hat{\sigma}^2$	61,31	23,28	83,59	61,62	67,39

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g); F<sub>2</sub>: Autofecundação da F<sub>1</sub>; RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>: retrocruzamentos.

Pelas médias dos genitores foi possível verificar que as cultivares UFUS 6901, TMG 801 e BRSGO 7560 foram contrastantes para os caracteres avaliados (TABELA 4).



Nos estudos de herança de acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) e Borém; Miranda (2017), a ocorrência de divergência entre os parentais é necessária para estimar os parâmetros genéticos. Baldissera et al. (2014) afirmam que o cruzamento entre genitores homozigotos distintos para um determinado caráter, permite inferir sobre o seu controle genético.

Em relação ao número de dias para maturidade hoje as cultivares precoces têm sido alvo dos programas de melhoramento. Verificou-se que a UFUS 6901 foi mais precoce para ambas combinações, enquanto os genitores com resistência a ferrugem tiveram ciclos superiores de 96,18 e 84,67 dias para as combinações F<sub>2</sub>-A e F<sub>2</sub>-B, respectivamente (TABELA 4). Ambas as combinações originaram população F<sub>2</sub> e retrocruzamentos com variabilidade genética, com destaque para o RC<sub>1</sub> realizado entre F<sub>1</sub> e o genitor UFUS 6901, cuja variabilidade foi superior.

A altura de planta é importante para adequação à colheita mecanizada. Segundo Sedyama (2016) a altura ideal para a soja está entre 60 a 110 cm, para favorecer a colheita e evitar o acamamento. Na TABELA 4, observa-se que a média da altura de plantas na maturidade ficou abaixo de 60 cm em ambas combinações para todas as populações avaliadas, no entanto o caráter teve variabilidade genética alta para F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, para ambas combinações.

O número de nós é outro caráter de grande importância para o melhoramento de soja, pois há correlações favoráveis com a produtividade (NOGUEIRA et al., 2012). De acordo com Sedyama (2016), uma planta de soja com elevado potencial produtivo deve possuir em média 17 ou 18 nós na haste principal. A média para ambas combinações variou de 10,39 a 16,45 nós. Nesse estudo a variabilidade genética para número de nós foram baixas para ambas as combinações. (TABELA 4).

Os baixos valores encontrados para altura de planta e número de nós na maturidade possivelmente ocorreram porque o experimento foi realizado fora de época. Barbosa et al., (2013) afirmam que o desempenho agrônômico de uma cultivar está relacionado ao potencial genético, assim como o ambiente em que são cultivadas. Câmara (2015) reafirma que semear um genótipo de soja de forma precoce ou tardia pode contribuir para alterações fenotípicas na planta.

No que se refere à severidade da ferrugem asiática, menores valores representam resistência dos genótipos. Observou-se que os genitores (TMG 801 e BRSGO 7560) resistentes à ferrugem apresentaram severidade superior a UFUS 6901 que é suscetível à doença, com valores de 20,58 e 40,41% para as combinações F<sub>2</sub>-A e F<sub>2</sub>-B,

respectivamente (TABELA 4). Ambas as combinações tiveram variabilidade genética para a população  $F_2$  e retrocruzamentos, com destaque para o  $F_2$  que apresentou alta variabilidade. Em ambas as combinações houve incidência da ferrugem, cuja severidade oscilou de 20,58% a 45,17%, considerados valores intermediários de acordo com a escala diagramática proposta por Juliatti et al. (2009). Com a semeadura fora da época adequada para o cultivo da soja, observa-se a redução do porte da planta, maior incidência de ferrugem asiática e problemas com oscilações pluviométricas (TECNOLOGIAS, 2013; FERRARI; PAZ; SILVA, 2015).

A média do número de vagens totais em ambas as combinações para  $F_2$  e  $RC_2$  foram superiores à dos pais, e houve variabilidade genética para todas as populações segregantes, com destaque para  $F_2$  que teve valores superiores aos dos pais. Já para o caráter produção de grãos, observou-se que as médias das populações segregantes foram superiores somente para UFUS 6901 para combinação  $F_2$ -A. Na combinação  $F_2$ -B, as populações segregantes  $F_2$  e  $RC_2$  foram superiores para ambos os genitores (TABELA 4). Castro (2008) encontrou médias para número de vagens por planta iguais a 206,56; 206,16; 283,49; 256,10; 274,64 e 265,31 e produção de grãos de 59,47; 49,73; 86,50; 68,46; 77,20 e 69,88 em gramas por planta para gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$ , respectivamente. Os valores citados são superiores ao presente estudo, e uma das prováveis explicações é a semeadura fora de época.

A estimativa dos componentes de variância é de extrema importância na tomada de decisão em um programa de melhoramento (HAMAWAKI et al., 2012). Na TABELA 5, estão dispostos os valores dos componentes de variância de caracteres agrônômicos e severidade da ferrugem, obtidos nas gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_2$  e retrocruzamentos.

Na TABELA 5, observou-se que a variância fenotípica variou de 12,66 a 2490,16 e na combinação  $F_2$ -A e de 7,68 a 1523,39 para a combinação  $F_2$ -B para NNM e NVT, respectivamente.

A variância genética foi superior à variância ambiental para os caracteres APM, NDM, NNM e NVT (TABELA 5) para ambas combinações, o que pode promover a seleção de genótipos superiores. Esses resultados são similares ao encontrado por Mattos (2018), que observou variância ambiental superior à variância genética para os mesmos caracteres avaliados.

O caráter número de vagens totais que teve a maior variância genética, de 878,21 na combinação  $F_2$ -A e 1412,61 na combinação  $F_2$ -B (TABELA 5), indicando alto potencial para seleção. Assim, o conhecimento sobre a variação genética de um

determinado caráter é fundamental para definir o melhor método de seleção para o desenvolvimento de novas linhagens (BALDISSERA et al., 2014).

TABELA 5. Estimativas dos componentes de variância de caracteres agronômicos e severidade da ferrugem, nas gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>2</sub> e retrocruzamentos, para duas combinações de cultivares de soja.

POPULAÇÃO A (UFUS 6901 x TMG 801)						
Parâmetros Genéticos	APM	NDM	NNM	NVT	SEV	PG
$\hat{\sigma}_f^2$	185,84	76,54	12,66	2490,16	105,75	195,45
$\hat{\sigma}_g^2$	139,54	62,37	8,45	1412,61	35,25	89,62
$\hat{\sigma}_a^2$	-	75,89	1,62	1536,97	5,73	182,26
$\hat{\sigma}_e^2$	46,29	14,17	4,21	1077,56	70,49	105,83
$h_a^2$	75,09	81,48	66,72	56,73	33,34	45,85
$h_r^2$	-	99,15	12,78	61,72	5,42	93,25
$\eta$	-	1,58	25,01	7,81	56,69	6,29
POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)						
Parâmetros Genéticos	APM	NDM	NNM	NVT	SEV	PG
$\hat{\sigma}_f^2$	192,72	31,09	7,68	1523,39	185,08	83,59
$\hat{\sigma}_g^2$	129,51	19,21	4,23	878,21	66,85	41,30
$\hat{\sigma}_a^2$	30,19	40,81	-	1227,79	205,95	38,18
$\hat{\sigma}_e^2$	63,21	11,88	3,45	645,17	118,23	42,29
$h_a^2$	67,19	61,77	55,06	57,65	36,12	49,41
$h_r^2$	15,67	131,27	-	80,59	111,27	45,68
$\eta$	19,71	4,66	-	7,87	2,97	8,98

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g);  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica;  $\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância ambiental;  $h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo (%);  $h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;  $\eta$ : número mínimo de genes.

Segundo Cruz; Regazzi e Carneiro (2012), a existência de variância aditiva é um indicativo de facilidade para identificar genótipos geneticamente superiores, que proporcionarão ganhos mais vantajosos em função de sua seleção. Na TABELA 5, a variância aditiva na combinação F<sub>2</sub>-A variou de 1,62 a 1536,97 para NNM e NVT, respectivamente, e na combinação F<sub>2</sub>-B, oscilou de 30,19 a 1227,79 para APM e NVT, respectivamente. Em ambas as combinações o número de vagens foi alto, o que torna possível maiores ganhos com a seleção.

A herdabilidade é um parâmetro que depende da população e do ambiente em que foi avaliada, sua estimativa varia de 0 a 100% e é considerada alta quando os valores são acima de 70% (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). As estimativas de herdabilidade no

sentido amplo de alta magnitude podem ser observadas nos caracteres de APM e NDM, que variaram de 75,09% a 81,48%, respectivamente, na combinação F<sub>2</sub>-A (TABELA 5). Rocha (2018) encontrou herdabilidade alta para os mesmos caracteres em estudo. Para a combinação F<sub>2</sub>-B, todos os caracteres apresentaram herdabilidade abaixo de 70%. Mattos (2018) obteve resultados superiores para APM (87,91%) em populações segregantes de soja na geração F<sub>2</sub>.

A herdabilidade no sentido restrito é mais eficiente, pois quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transferida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2017). De acordo com Falconer & Mackay (1996), uma contribuição importante da herdabilidade no sentido restrito é seu dever quanto a predição do ganho com a seleção, expressando dessa forma a confiança do valor fenotípico como estimador do valor genético.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito de alta magnitude foram observadas nos caracteres de PG e NDM, que variou de 93,25% a 99,15%, respectivamente, na população F<sub>2</sub>-A, e os caracteres de SEV e NDM, que variaram de 111,27% a 131,27%, respectivamente, na combinação F<sup>2</sup>-B (TABELA 5).

O tipo de herança que controla um caráter é estimado pelo número de genes, que pode ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (LOBO et al., 2005). Os caracteres qualitativos são governados por um ou poucos genes que fazem parte de classes fenotípicas diferentes e pouco influenciadas pelo ambiente. A maioria dos caracteres de importância agrônômica apresentam herança quantitativa, e são condicionados pela expressão de vários genes (BALDISSERA et al., 2014), como verificado nesse estudo.

O número de genes informa sobre o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo. Se o número de genes envolvidos for alto, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população e maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose completa. A estimativa do número de genes é dificultada quando há alta influência ambiental na manifestação do caráter, e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito (BALDISSERA et al., 2014).

Na combinação F<sub>2</sub>-A, o número de genes que controla o número de dias para maturação, número de nós na maturação, número de vagens totais, severidade da doença e produção de grãos foi de 1, 25, 7, 56 e 6, respectivamente. Já na combinação F<sub>2</sub>-B, a altura da planta na maturação, o número de dias para maturação, número de vagens totais, severidade da doença e produção de grãos foi de 19, 4, 7, 2 e 8 genes, respectivamente (TABELA 5).

O conhecimento do ganho genético permite avaliar a eficácia dos diversos métodos de melhoramento, bem como o sucesso do genótipo melhorado. Para estabelecer as populações de melhoramento é necessário que elas sejam baseadas na variabilidade genética. As populações desenvolvidas no melhoramento fazem parte de um conjunto de plantas selecionadas que o melhorista manipula para realizar o melhoramento genético (BERTI, 2010).

A partir das estimativas dos parâmetros genéticos para ambas as combinações, verificou-se a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores na geração F<sub>2</sub>. Assim, estimou-se o ganho de seleção obtido na população de selecionados, como dispostos na TABELA 6.

TABELA 6. Predição de ganhos por seleção dos caracteres das combinações de cultivares de soja.

<b>POPULAÇÃO A (UFUS 6901 x TMG 801)</b>						
<b>Parâmetros Genéticos</b>	<b>APM</b>	<b>NDM</b>	<b>NNM</b>	<b>NVT</b>	<b>SEV</b>	<b>PG</b>
$\bar{X}_0$	54,89	87,62	16,29	107,16	28,4	28,35
$\bar{X}_s$	70,96	81,35	20,00	166,77	17,05	44,86
<b>GS (%)</b>	-14,90	-7,09	2,91	34,33	-2,18	54,34
<b>Média predita para o 1º ciclo após seleção</b>	46,71	81,40	16,77	143,95	27,87	43,75
<b>POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)</b>						
<b>Parâmetros Genéticos</b>	<b>APM</b>	<b>NDM</b>	<b>NNM</b>	<b>NVT</b>	<b>SEV</b>	<b>PG</b>
$\bar{X}_0$	56,82	82,83	14,25	94,90	38,33	24,34
$\bar{X}_s$	71,64	77,98	16,97	141,06	23,29	34,90
<b>GS (%)</b>	4,09	-7,67	-0,21	39,20	-43,65	19,80
<b>Média predita para o 1º ciclo após seleção</b>	59,14	76,47	14,22	132,11	21,59	29,17

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g);  $\bar{X}_0$ : média original da F<sub>2</sub>;  $\bar{X}_s$ : média dos indivíduos selecionados; GS(%): ganho por seleção.

O principal objetivo dos melhoristas é a seleção de genótipos com ciclo precoce. Desse modo, foram selecionados indivíduos com menores valores para esse caráter. Na combinação de F<sub>2</sub>-A, foram selecionados 86 genótipos de um total de 288 indivíduos considerando a precocidade, com uma média predita de 81,40 dias e ganho de seleção de -7,09%. Na combinação F<sub>2</sub>-B, foram selecionados 77 genótipos de um total de 259 indivíduos, e observou-se uma média predita de 76,47 dias e ganho de seleção de -7,67%

(TABELA 6). Como se trata de uma espécie de dia curto, quando realizada a semeadura fora da época adequada, é esperada redução do ciclo total da soja (TECNOLOGIAS, 2011; SILVA et al., 2015).

Para resistência à ferrugem asiática, seguiu-se a ordem de escolha dos menores valores de severidade da doença. Nesse estudo, na combinação F<sub>2</sub>-A a média predita e o ganho genético foram de 27,87% e -2,18% e na combinação F<sub>2</sub>-B, 21,59% e -43,65%, respectivamente (TABELA 6). Martins (2011) encontrou valores de médias semelhantes para a severidade da ferrugem de 15,13%, 21,46%, 41,88% e 28,21% em gerações F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, respectivamente, e consequentemente apresentando maior resistência.

Os caracteres APM, NNM também foram selecionados considerando os valores estabelecidos como ideais por Sedyama (2016). A média predita da altura de planta e número de nós na maturidade foi de 46,71 e 16,77 para a combinação F<sub>2</sub>-A e 59,14 e 14,22 para combinação F<sub>2</sub>-B. A média dos selecionados ficou fora do limite considerado ideal para uma planta altamente produtiva. O ganho de seleção para combinação F<sub>2</sub>-A para APM e NNM foi de -14,90% e 2,91% e para combinação F<sub>2</sub>-B foi de 4,09% e -0,21% (TABELA 6).

O número de vagens totais teve como finalidade selecionar elevados valores para o caráter. Para a combinação F<sub>2</sub>-A verificou-se uma média predita e ganho genético de 143,95 de sementes por vagem e 34,33%, e para combinação F<sub>2</sub>-B 132,11 de sementes por vagem e 39,20%, respectivamente (TABELA 6). Sedyama (2016) afirma que as cultivares nacionais de soja apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta, resultados inferiores aos encontrados neste estudo. Mattos (2018) observou ganho de 92,88 em população segregante F<sub>2</sub> para número de vagens, indicando a possibilidade de obter ganhos com a seleção em gerações iniciais.

A produção de grãos para a média dos indivíduos selecionados para combinação F<sub>2</sub>-A foi de 43,75 g e para a combinação F<sub>2</sub>-B de 29,17 g (TABELA 6). Além disso, foram observados ganhos positivos, de 54,34% e 19,80% para a combinação F<sub>2</sub>-A e F<sub>2</sub>-B, respectivamente, indicando a possibilidade de ganhos com a seleção. Costa et al. (2004) e Teixeira et al. (2017) também observaram ganhos de 55,11% e 29,54% para produção de grãos, respectivamente, em uma população segregante F<sub>2</sub> de soja, o que entra em consenso com resultados obtidos nesse estudo.

#### 4. CONCLUSÕES

A combinação entre UFUS 6901 e TMG 801 (F<sub>2</sub>-A) apresentou elevado coeficiente de herdabilidade para os caracteres de altura de planta na maturidade e número de dias para maturidade, com valores de 75,09% e 81,48%, respectivamente.

A combinação UFUS 6901 e BRSGO 7560 (F<sub>2</sub>-B) apresentou baixos valores de coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, sendo o mais próximo de 70% o caráter altura de planta na maturidade.

A herdabilidade no sentido restrito para combinação F<sub>2</sub>-A foi alta, apresentando valores de 99,25% e 93,25% para os caracteres número de dias para a maturidade e produção de grãos, respectivamente.

A combinação F<sub>2</sub>-B apresentou valores de herdabilidade no sentido restrito variando de 111,27% a 131,27% para severidade da ferrugem e número de dias para maturidade. Os valores de herdabilidade no sentido restrito elevado representam um indicativo da predição de ganho na próxima geração.

A combinação F<sub>2</sub>-A possibilitou a seleção de indivíduos superiores quanto à produção de grãos e a combinação F<sub>2</sub>-B quanto a severidade da ferrugem.

## REFERÊNCIAS

- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. M. N.; BARI, M. A. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN M. A. Genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. **Plant Gene and Trait** [s.l.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016.  
<https://doi.org/10.5376/pgt.2016.07.0013>
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; & COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias (Journal of Agroveterinary Sciences)**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BARBOSA, M. C.; BRACCINI, A. L.; SCAPIM, C. A.; PAIOLA, L. A., PICCININ, G. G.; ZUCARELI, C. Desempenho agrônomo e componentes da produção de cultivares de soja em duas épocas de semeadura no arenito caiua. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 3, 2013.  
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n3p945-960>
- BERTI, C. L. F. **Variação genética, herdabilidade e ganhos de seleção para caracteres de crescimento e forma, em teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus cloeziana*, aos 24 anos de idade em Luiz Antônio-SP**. 269 f. Dissertação (Mestrado em Sistema de Produção. Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho”. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, SP, 2010.
- BORÉM, A. **Hibridação Artificial de Plantas**. 2. Ed. Viçosa: Editora UFV. 2009. 625 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV. 2017. 523 p.
- CÂMARA, G. M. S. Preparo do solo e plantio. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 66-109p.  
<https://doi.org/10.1590/S0103-90161997000300017>
- CAMOLESE, A. C.; BOTELHO, L.; PINHEIRO, M.; FRAGA, T. R.; MAIA, M. S.; RINCÃO, M. P.; ABDELNOOR, R. V. **Ranqueamento de populações de soja quanto à resistência a *Phakopsora pachyrhizi***. VII Jornada Acadêmica da Embrapa Soja. Londrina: Embrapa Soja, 2012. p. 158-165.
- CASTRO, L. P. de. **Herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja**. 44 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP, Piracicaba, 2008.
- COSTA, M.M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.  
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>



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.  
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. Ed, Viçosa, MG: Ed. UFV, 2012. 514 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, v. 80, p. 1-12, 1977.

FERRARI, E.; PAZ, A.; SILVA, A. C. Déficit hídrico no metabolismo da soja em semeaduras antecipadas no Mato Grosso. **Nativa**, Mato Grosso, v. 03, n. 01, p. 67-77, 2015.  
<https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n01a12>

HAMAWAKI, O.T., SOUSA, L.B., ROMANATO, F.N., NOGUEIRA, A.P.O., SANTOS JÚNIOR, C.D., POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Piauí, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.

HIRAKURI, M. H. Impactos econômicos de estresses bióticos e abióticos na produção de soja. **Circular Técnica** 105. Londrina, PR, 2014.

JULIATTI, F.C.; RESENDE, A.A.; ALVIM JÚNIOR, M.G.; ALVIM, M.S.; SILVA, P.S.; JULIATTI, B.C.M.; PARREIRA, F.O.S. Eficiência dos fungicidas aprovados na RPSRCB no controle da ferrugem asiática da soja, em Uberaba –MG. Universidade Federal de Uberlândia, p.79-91. *In: Documentos...* Embrapa-Soja, Resultados dos ensaios cooperativos para o controle da ferrugem asiática da soja, safra 2008-9, Londrina: Embrapa Soja, 2009.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30. n. 4, p. 343-349, 2005.  
<https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002>

MARTINS, J. A. S. **Controle genético da resistência parcial, adaptabilidade e estabilidade frente à ferrugem asiática da soja**. 191 f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Uberlândia, 2011.

MATTOS, T. P. **Herança da produtividade e caracteres agronômicos**. 74f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 94f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres

em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012, 522 p.

ROCHA, M. R. da. **Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja**. 138f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. 2018.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 310 p.

SPEHAR, C. R., FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 153, p. 1059-1068, 2014.  
<https://doi.org/10.1017/S0021859614000781>

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A(ed). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV. 2015. p. 149-67.

TECNOLOGIAS de produção de soja - Região Central do Brasil 2012 e 2013. **Embrapa Cerrados**: Embrapa Agropecuária Oeste, Londrina: Embrapa Soja, 2011. 264p. (Embrapa Soja. Sistemas de produção, 15).

TECNOLOGIAS de produção de soja: Região central do Brasil, 2013 e 2014. **Embrapa Soja**: Sistemas de Produção, Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p.

TEIXEIRA, F. G., HAMAWAKI, O. T., NOGUEIRA, A. P. O., HAMAWAKI, R. L., JORGE, G. L., HAMAWAKI, C. L., ... & SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017.  
<https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

VASCONCELOS, E.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina**, Londrina, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, 2015.  
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3p1203>

VISSCHER, P., M.; HILL, W., G.; WRAY, N., R. Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. **Nature reviews genetics**, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 255, 2008.  
<https://doi.org/10.1038/nrg2322>

### **CAPÍTULO III. Estratégias de seleção aplicadas em caracteres agronômicos e severidade da ferrugem asiática em população F<sub>3</sub> de soja<sup>2</sup>**

#### **RESUMO**

A estabilidade de produção de grãos em soja está relacionada à resistência dos genótipos frente aos fatores bióticos e abióticos que prejudicam a cultura da soja. Dada a relevância da cultura da soja para o Brasil e a importância da ferrugem asiática, torna-se fundamental o desenvolvimento de novos genótipos que agreguem produtividade e resistência a ferrugem. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi determinar parâmetros genéticos, estimar correlações fenotípicas e genotípicas em progênies F<sub>3</sub> oriundos de duas populações com genitores resistentes à ferrugem asiática; selecionar progênies F<sub>3</sub> de duas populações com alta produtividade e maior resistência à ferrugem. O experimento foi realizado em campo na área do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, no município de Uberlândia – MG, na safra 2018/2019. Foram avaliadas 87 progênies F<sub>3</sub> da combinação de UFUS 6901 x TMG 801 (F<sub>3</sub>-A) e 87 progênies F<sub>3</sub> da combinação de UFUS 6901 x BRSGO 7560 (F<sub>3</sub>-B). As testemunhas utilizadas na população F<sub>3</sub>-A foram a UFUS 6901 e a TMG 801 e na população F<sub>3</sub>-B, UFUS 6901 e BRSGO 7560. O delineamento foi o de blocos completos casualizados com três repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento e para maturidade, severidade da ferrugem, área abaixo da curva de progresso da doença e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância, os agrupamento dos genótipos pelo teste Scott-Knott e a estimativa dos coeficientes de correlação entre os caracteres. Em seguida foram estimados os ganhos de seleção por três estratégias, a seleção direta, a indireta e baseada em índices. Constatou-se a existência de variabilidade genética ao nível de 1 e 5% de probabilidade pelo teste F, para os caracteres avaliados. Os parâmetros de herdabilidade, coeficiente de variação genética e a razão entre os coeficientes de variação genética e ambiental indicaram condições favoráveis a seleção para todos os caracteres em ambas as populações. A população F<sub>3</sub>-A apresentou progênies com alta produtividade de grãos de 3935,46 a 4734,58 kg ha<sup>-1</sup>. A análise das correlações entre os caracteres evidenciou a predominância de causas genéticas. Constatou-se, ainda, a existência de correlação fenotípica e genética acima de 0,9 e de sinal positivo entre os caracteres severidade da ferrugem e progresso da doença. Utilizando as diferentes estratégias de seleção para produtividade, os genótipos UFUS FB 12, UFUS FB 32 na população F<sub>3</sub>-A e o genótipo UFUS FB 37 na população F<sub>3</sub>-B proporcionaram os melhores ganhos genéticos.

**Palavras-chave:** correlações, índices de seleção, ganhos de seleção.

---

<sup>2</sup>Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira

### **CHAPTER III. Selection strategies applied in agronomic characters and severity of Asian rust in soybean F<sub>3</sub> population**

#### **ABSTRACT**

The stability of soybean production is related to the resistance of the genotypes to the biotic and abiotic factors that affect the soybean crop. Given the culture of soybeans for Brazil and the Asian culture, the development of new genes that generate productivity and resistance to rust has utmost importance. In this context, the objective of this work was to determine genetic parameters, estimate phenotypic and genotypic correlations in F<sub>3</sub> progenies of two highly-productive populations with genitors which are resistant to Asian Rust. The experiment was performed in the field of the UFU Soy Improvement Program, in the municipality of Uberlândia - MG, in the 2018/2019 harvest. A total of 87 soybean F<sub>3</sub> progenies from the combination between UFUS 6901 X BRSGO 7560 (F<sub>3</sub>-B). The witnesses used in the F<sub>3</sub>-A population were UFUS 6901 and TMG 801 and in the F<sub>3</sub>-B population, UFUS 601 and BRSGO 7560. The outlining was composed by randomized complete blocks with three repetitions. The following characters were evaluated: numbers of days to flowering and to maturity, rust severity, area bellow the disease progress curve and grain yield. The data were submitted to variance analysis, the grouping of genotypes by the Scott-Knott test and the estimative of correlation coefficients between characters. Afterwards, three strategies were used to estimate the selection gains: direct, index based and indirect selection. It was noticed the existence of genetic variability in levels 1 and 5% of probability, via F test, in the evaluated characters. In both populations, the parameters heritability, genetic variance coefficient and the ratio between the coefficients of genetic and environmental variations indicated favorable conditions to the selection of all the characters in both populations. The F<sub>3</sub>-A population presented progenies with high grain yield, ranging from 3935.46 to 4734.58 kg ha<sup>-1</sup>. The correlation analysis between the characters evidenced the predominance of genetic causes. It was noticed also, the existence of phenotypic and genetic correlation above 0.9 and positive between the characters rust severity and disease progress. Using the different selection strategies to productivity, the genotypes UFUS FB 12, UFUS FB 32 in the F<sub>3</sub>-A population and the genotype UFUS FB 37 in the F<sub>3</sub>-B population provided the best genetic gains.

**Keywords:** correlations, selection indexes, selection gains.

## 1. INTRODUÇÃO

A soja é a cultura agrícola mais importante do Brasil, abastece o mercado interno e contribui para a formação de divisas via exportação. Os principais desafios enfrentados pela cultura são: de ordem fitossanitária (pragas, doenças e plantas daninhas); de manejo do solo; de tolerância à seca; e de aumento da produtividade (CONTINI et al., 2018).

Entre os principais fatores que podem afetar a produtividade, destaca-se as doenças. A principal dentre elas é a ferrugem asiática da soja (FAS), cujo agente etiológico é o fungo *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow), capaz de causar de 30 a 75% de perdas em lavouras (KLOSOWSKI et al., 2016; MOURA; BOLLER; DEUNER, 2016). O custo com a doença no Brasil, durante a safra 2013/14, chegou a 2,2 bilhões de dólares, levando em consideração três aplicações de fungicidas. E na safra 2015/16 foram feitas em média 3,3 aplicações, com perspectiva de aumento desse número para os próximos cultivos (REIS et al., 2017). A resistência genética constitui como a ferramenta mais econômica e sustentável para o controle da FAS (MAPHOSA et al., 2013; YAMANAKA et al., 2013).

Os programas de melhoramento genético da soja têm grande importância no desenvolvimento de genótipos resistentes a doenças e com elevada produtividade. Atualmente, o uso de novas cultivares tem sido uma das tecnologias que mais proporciona o aumento de produtividade e estabilidade de produção (FERREIRA JÚNIOR et al., 2010).

O processo de seleção de genótipos superiores de soja é complexo, em razão dos caracteres agronômicos de importância econômica serem de natureza quantitativa, de alguns estarem correlacionados entre si e, em geral, por apresentarem baixa herdabilidade (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos promissores devem reunir simultaneamente, uma série de características favoráveis objetivando ganhos elevados para atender à demanda do mercado (CRUZ, 2013).

Os índices de seleção tornam-se uma alternativa para selecionar simultaneamente mais de um caráter, o que permite encontrar os genótipos que envolvem expressivos ganhos genéticos para um conjunto de caracteres concomitantes (TEIXEIRA et al., 2017). Os índices relacionam as informações de diversos caracteres e uma seleção eficiente, aumentando a possibilidade de êxito de um programa de melhoramento

(VASCONCELOS et al., 2010; ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013; VIANNA et al., 2013; REZENDE et al., 2014; LEITE et al., 2016).

Os valores dos índices auxiliam na seleção, eles são obtidos pela combinação de todos os caracteres de interesse para cada unidade a ser selecionada, e avaliando as respostas indiretas desejadas a partir dos caracteres originais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Devido à grande importância do melhoramento genético de soja para o setor produtivo, o objetivo do presente trabalho foi: determinar parâmetros genéticos, estimar correlações fenotípicas e genotípicas em progênies  $F_3$  oriundos de duas populações com genitores resistentes a ferrugem asiática; selecionar progênies  $F_3$  de duas populações com alta produtividade e menor resistência à ferrugem.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1.Instalação do experimento**

O estudo foi realizado na estação experimental Fazenda Capim Branco (18 °52' S; 48° 20' W e 805 m de altitude) pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), situada no município de Uberlândia, Minas Gerais.

### **2.2.Tratamentos e delineamento experimental**

O delineamento foi o de blocos completos casualizados com três repetições, para cada tratamento. Os tratamentos foram constituídos por 87 progênies  $F_3$  da combinação de UFUS 6901 x TMG 801 ( $F_3$ -A) e 87 progênies  $F_3$  da combinação de UFUS 6901 x BRSGO 7560 ( $F_3$ -B). As testemunhas utilizadas na população  $F_3$ -A foram UFUS 6901 e TMG 801 e na população  $F_3$ -B, UFUS 6901 e BRSGO 7560. Cada parcela foi constituída de uma linha de plantas de soja, com 1,5 m de comprimento. A densidade de semeadura foi de 15 sementes/m. As sementes foram tratadas previamente com fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*.

### **2.3.Implantação e Condução do experimento**

O preparo do solo foi realizado de maneira convencional, com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, foi realizada a abertura do sulco de semeadura, com espaçamento de 0,5 m entre linhas.

A adubação de semeadura foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha<sup>-1</sup> de NPK da formulação 2-28-18 e posterior revolvimento do adubo com o solo. Após o preparo inicial da área, foi feita a semeadura no dia 01 de setembro de 2018.

Para o controle de plantas infestantes foi feita aplicação de herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, dose 1,4 L ha<sup>-1</sup>), capina manual e aplicação de herbicida pós-emergente (Methyl (R)-2, dose 0,5 L ha<sup>-1</sup>) quando a soja se encontrava em estágio V4 (FEHR & CAVINESS, 1977). Para o controle de doenças e pragas foram feitas duas aplicações de fungicida (Trifloxistrobina e Prothioconazol, dose de 0,4 L ha<sup>-1</sup>) e inseticida (Acefato, dose de 1,0 g ha<sup>-1</sup>).

O experimento foi conduzido na época de semeadura indicada para a região, entre o período de setembro/2018 a dezembro/2018, caracterizado por índices pluviométricos elevados (FIGURA. 1).

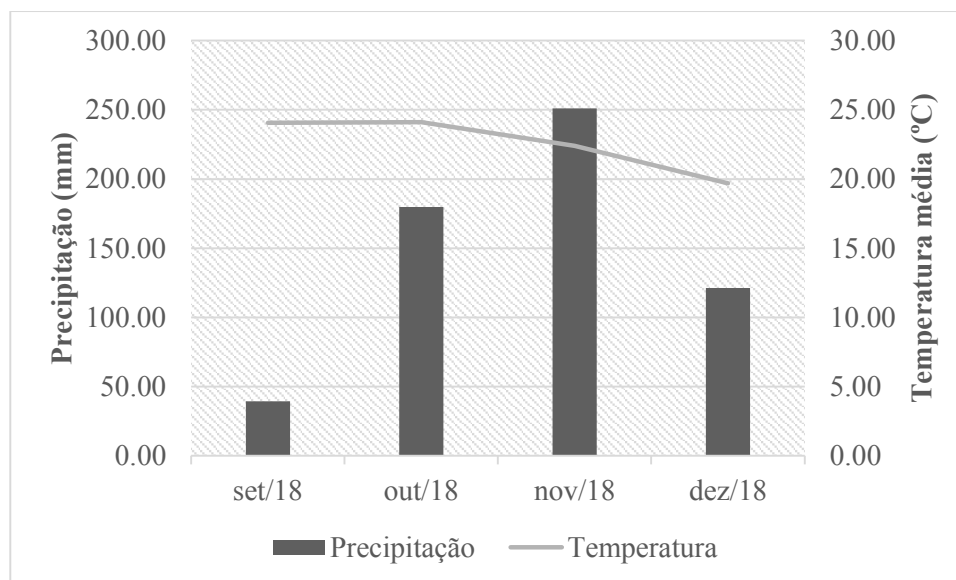


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro a dezembro de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

#### 2.4.Avaliações das gerações (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> e F<sub>3</sub>)

As avaliações das gerações foram realizadas no período vegetativo, reprodutivo e pós-colheita para os seguintes caracteres:

- Número de dias para o florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até a data do florescimento no estágio R1, em 50% das plantas da parcela (FEHR & CAVINESS, 1977);
- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8, em 50% das plantas da parcela (FEHR & CAVINESS, 1977);
- Severidade da Ferrugem Asiática (SEV): estimativa visual dos folíolos do terço médio das plantas de toda parcela, a partir do estágio R1. A ferrugem asiática ocorreu de forma natural no campo. Para determinação da porcentagem de severidade da doença foi utilizada a escala diagramática proposta por Juliatti et al. (2009), como pode ser observado na FIGURA 2.



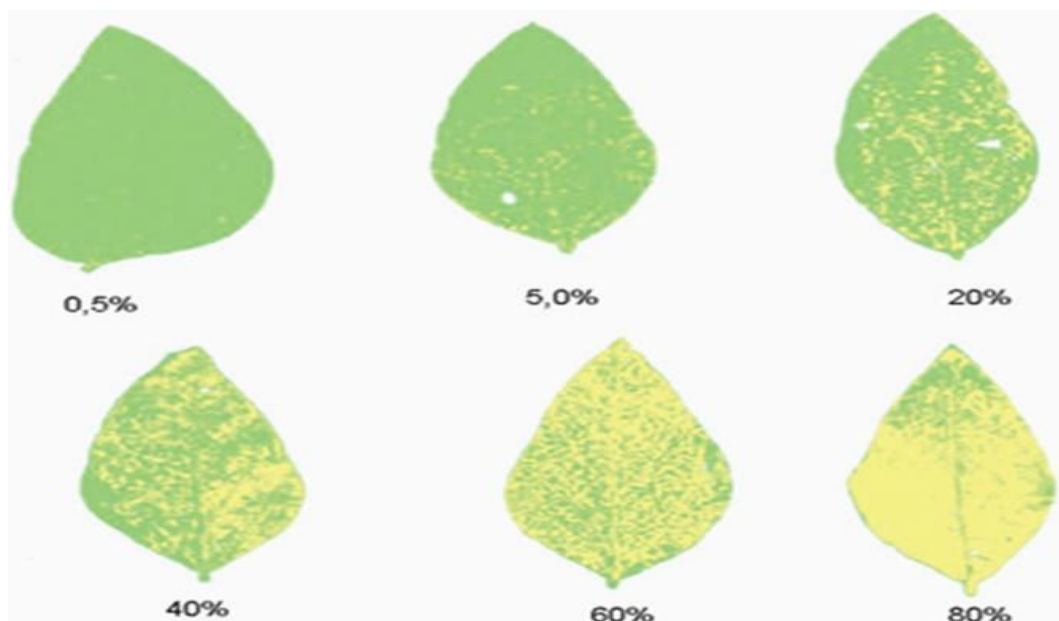


FIGURA 2. Escala diagramática para avaliar a severidade da ferrugem da soja (JULIATTI et al., 2009).

- Área abaixo da curva de progressão de doença (AACPD): baseada em avaliações de severidade, pode-se estabelecer uma curva da doença quantificada *versus* tempo (SHANER & FINNEY, 1977), que pode ser calculada pela fórmula:

$AACPD = \sum [(Y_i + Y_{i+1}) / 2 \times (T_{i+1} - T_i)]$ , onde:

$Y_i$ : Proporção da doença na  $i$ -ésima observação;

$T_i$ : Tempo (dias) na  $i$ -ésima observação e;

$N$ : Número total de observações.

- Produtividade de grãos (PROD): após a colheita, as plantas de cada linha foram trilhadas e beneficiadas, em seguida foram mensuradas suas massas, em balança digital com quatro casas decimais, e a umidade, em medidor de umidade de grãos. A produtividade de grãos foi extrapolada para  $\text{kg ha}^{-1}$  e corrigida para umidade de 13% segundo a equação:

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

Em que:

PF: Produtividade final da amostra;

PI: Produtividade inicial da amostra;

UI: Umidade inicial da amostra;

UF: Umidade final da amostra (13%).

## 2.5. Análise estatística

Foi realizada análise de variância (ANOVA) por meio do teste de médias de Scott-Knott aos níveis de 5 e 10% de probabilidade. A ANOVA seguiu o modelo estatístico abaixo considerando delineamento de blocos casualizados e os efeitos de genótipo aleatório.

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

Em que:

$Y_{ij}$ : valor de cada caráter em uma parcela que compreende o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral do caráter;

$G_i$ : efeito do genótipo considerado aleatório i;

$B_j$ : efeito do bloco considerado aleatório j;

$\varepsilon_{ij}$ : efeito do erro considerado aleatório.

Foram estimados o coeficiente de variação genotípica (CVg) e a razão entre o coeficiente de variação genotípica e ambiental (CVg/CVe).

$$CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g}{m} \times 100$$

Em que:

CV<sub>g</sub>: Coeficiente de variação genético;

$\hat{\sigma}_g$ : Estimativa do desvio padrão genotípico;

m: média observada do caráter.

Posteriormente, foi estimada a herdabilidade com base na equação a seguir:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g}{QMT/r}$$

$$\hat{\sigma}_g = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

H<sup>2</sup>: Herdabilidade;

$\hat{\sigma}_g$ : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas conforme as fórmulas a seguir:

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que:

$r_f$ : estimador de correlação fenotípica;

$PMG_{xy}$ : produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

$QMG_x$ : quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;

$QMG_y$ : quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y.

$$r_g = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})/r}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g(x)} \hat{\sigma}_{g(y)}}} = \frac{\hat{\sigma}_{g(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g(x)} \hat{\sigma}_{g(y)}}}$$

Em que:

$r_g$ : Estimador de correlação genotípica;

$\hat{\sigma}_{g(xy)}$ : Estimador da covariância genotípica;

$\hat{\sigma}_{g(x)}$  e  $\hat{\sigma}_{g(y)}$ : Estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Adotando-se três estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e baseada em índices, foi determinado o ganho de seleção para os caracteres. Foram aplicadas intensidades de seleção de 20%.

Os ganhos de seleção (GS) para a seleção direta e indireta foram baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

$$GS_i = (X_{si} - X_{oi}) H_i^2 = DS_i H_i^2$$

Em que:

GS<sub>i</sub>: ganho de seleção direto no i-ésimo caráter;

X<sub>si</sub>: média das progênies selecionadas para o caráter i;

X<sub>oi</sub>: média original da população para o caráter i;

H<sub>i</sub><sup>2</sup>: Herdabilidade do caráter i;

DS<sub>i</sub>: diferencial de seleção praticado na população.

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} H_i^2$$

Em que:

GS<sub>j(i)</sub>: ganho de seleção indireto no j-ésimo caráter pela ação no i-ésimo caráter;

DS<sub>j(i)</sub>: diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter j nos indivíduos selecionados com base no caráter i.

A classificação dos genótipos pelo índice de seleção baseado na soma de “ranks” é realizada de acordo com a ordem de ganhos favoráveis ao melhoramento, para cada caráter, e pelos ganhos de seleção direto e indireto, e então, somar as ordens de cada caráter para o genótipo resultando uma medida tomada como índice, como descrito pela equação a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Em que:

I: Valor do índice para determinado genótipo;

r<sub>j</sub>: classificação de um indivíduo para o caráter j;

r<sub>n</sub>: número de variáveis consideradas no índice.

Outro índice de seleção analisado foi o da distância genótipo-ideótipo, no qual foram calculados a média e os valores máximos e mínimos de cada caráter. Foram considerados X<sub>ij</sub> como a média do valor fenotípico do caráter j no genótipo i, Y<sub>ij</sub> representa a média transformada do valor fenotípico, e C<sub>ij</sub> que é a constante relativa à depreciação da média do genótipo.

Assim teve-se:

Se  $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij}$ ;

Se  $X_{ij} < LI_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$ ;

Se  $X_{ij} > LS_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$ .

Em que,

$LI_j$ : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter  $j$ ;

$LS_j$ : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter  $j$ ;

$VO_j$ : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Considerou-se então:  $C_j = LS_j - LI_j$ . Dessa forma, o valor da constante  $C_j$  garantiu que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do que era satisfatório resultasse em um valor de  $Y_{ij}$  com magnitude próxima do valor ótimo ( $VO_j$ ). Os valores  $Y_{ij}$  obtidos por transformação foram então, padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter pela equação a seguir:

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Em que,

$S(Y_j)$ : desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação;

$a_j$ : peso ou valor econômico da característica.

O valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi realizado seguindo a equação:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

Foram então calculados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a equação a seguir:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - VO_j)^2}$$

A ordem de seleção foi mantida como decréscimo para NDF, NDM, SEV e AACPD e acréscimo para produtividade de grãos.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa é a estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos, pois permite orientar programas de melhoramento na tomada de decisão a respeito das estratégias de seleção e possibilita a predição de ganhos genéticos com a seleção e a avaliação da viabilidade do programa de melhoramento genético (HALLAUER et al., 2010; RAMALHO et al., 2012).

O conhecimento da variância genética é um pré-requisito para viabilidade do processo seletivo. Na TABELA 1, detectou-se variabilidade genética ao nível de 1 e 5% pelo teste F para os caracteres avaliados em ambas as populações F<sub>3</sub> de soja.

TABELA 1. Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação para os caracteres avaliados em progênies F<sub>3</sub> provenientes de duas populações de soja.

Caracteres	População A (UFUS 6901 x TMG 801)				
	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg (%)	CVg/Cve	CV (%)
NDF	27,89**	83,79	6,86	1,31	5,22
NDM	55,56**	58,43	2,72	0,68	3,98
SEV	0,73*	26,59	7,39	0,35	21,29
AACPD	23,11*	31,29	8,88	0,39	22,79
PROD	557,82**	87,95	31,68	1,56	20,31
Caracteres	População B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)				
	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg (%)	CVg/Cve	CV (%)
NDF	6,06*	74,74	3,80	0,99	3,83
NDM	23,22*	7,03	0,78	0,78	4,93
SEV	1,05*	37,07	12,50	0,44	28,22
AACPD	14,24*	34,39	11,90	11,90	28,48
PROD	224,79*	66,49	16,78	0,81	20,63

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos; QMG: quadrado médio de genótipo; H<sup>2</sup>: coeficiente de herdabilidade; CVg: Coeficiente de variação genético; CVg/Cve: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. Valores seguidos por \*\* e \* são significativos ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente.

Estudos realizados pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) têm identificado variabilidade genética quando avaliadas populações segregantes (MATTOS, 2018; TEIXEIRA et al., 2017; MACHADO et al., 2017).

A herdabilidade (H<sup>2</sup>) refere-se à proporção da variação fenotípica atribuída à variação genética, o que reflete a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do

valor genotípico e interfere no ganho de seleção (FALCONER & MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Esse é um dos principais parâmetros genéticos utilizados em programas de melhoramento, pois permite inferir sobre o ganho genético. Os valores de  $H^2$  são considerados altos quando iguais ou superiores a 70% em plantas (ROCHA et al., 2015).

Na população F<sub>3</sub>-A, os caracteres que apresentaram maiores valores para  $H^2$  foram os caracteres NDF e PROD com 83,79% e 87,95%, respectivamente. Na população F<sub>3</sub>-B, o NDF apresentou maior valor de  $H^2$  de 74,74% (TABELA 1). Os demais caracteres apresentaram valores inferiores a 70%. Sagata (2011), avaliando parâmetros genéticos com genótipos de soja desenvolvidos pelo programa de melhoramento da UFU, encontrou valores de  $H^2$  de 91%, 66%, e 69%, para os caracteres número de dias para o florescimento, número de dias para maturidade e produtividade de grãos, respectivamente.

Os coeficientes de herdabilidade e de variação genética estão associados à variabilidade genética: quanto maiores esses coeficientes, maior a variabilidade, maior acurácia na seleção e possibilidade de selecionar com sucesso genótipos de soja com boas características agronômicas (STORCK; RIBEIRO, 2011). A razão CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub> é um indicativo de obtenção de ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores, quando atinge valor maior ou igual a 1, indica uma situação favorável à seleção (LEITE et al., 2016).

Os valores de CV<sub>g</sub> oscilaram na população F<sub>3</sub>-A, de 2,72% a 31,68% para NDM e PROD, respectivamente, e na população F<sub>3</sub>-B de 0,78% a 16,78% para os mesmos caracteres, evidenciando a existência de variabilidade para os caracteres em estudo (TABELA 1). As relações CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub> apresentaram valores maiores que um para NDF e PROD na população F<sub>3</sub>-A e para AACPD na população F<sub>3</sub>-B, demonstrando condições satisfatórias para a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O coeficiente de variação, quando observado nas populações simultaneamente, oscilou entre 3,83% a 28,48% (TABELA 1) para NDF e AACPD, respectivamente. Sendo o CV para AACPD maior em ambas as populações. Bizari et al. (2017) em estudo em população segregante F<sub>5</sub> de soja, em Jaboticabal – SP, encontraram CV de 0,9% para o caráter NDM, resultados menores que o encontrado no presente estudo. Almeida et al. (2013) avaliaram o desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares, e verificaram um CV para o mesmo caráter de 47%, superior ao encontrado no presente trabalho.



Os programas de melhoramento buscam desenvolver cultivares de ciclo precoce, pois permitem a utilização do sistema de sucessão de culturas e instalação de milho safrinha após a colheita da soja (CRUZ; PEIXOTO; MARTINS, 2010; MEOTTI et al., 2012). Os genótipos de ciclo precoce permanecem no campo por menos tempo, diminuindo os efeitos dos fatores bióticos a abióticos, como pressão de doenças e impactos referentes à seca, possibilitando maior estabilidade de produção de grãos (FINOTO et al., 2011; GATUT WAHYU et al., 2014). O desempenho das progênies para as duas populações avaliadas no presente estudo pode ser observado na TABELA 2.

TABELA 2. Valores máximos e mínimos das médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes de duas populações de soja.

<b>População A (UFUS 6901 x TMG 801)</b>								
<b>Caracteres</b>	<b>Grupo A</b>		<b>Grupo B</b>		<b>Grupo C</b>		<b>Grupo D</b>	
	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>
NDF	42,00	45,33	36,67	41,00	-	-	-	-
NDM	120,33	123,00	111,67	114,00	-	-	-	-
SEV	4,67	21,89	-	-	-	-	-	-
AACPD	130,67	626,50	-	-	-	-	-	-
PROD	3935,46	4734,58	2190,45	3575,67	1210,26	2110,44	251,28	1128,20
<b>População B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)</b>								
<b>Caracteres</b>	<b>Grupo A</b>		<b>Grupo B</b>		<b>Grupo C</b>		<b>Grupo D</b>	
	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>	<b>Mín.</b>	<b>Máx.</b>
NDF	34,33	36,00	32,67	34,00	30,00	32,33	-	-
NDM	87,67	100,33	-	-	-	-	-	-
SEV	9,11	17,89	2,44	9,00	-	-	-	-
AACPD	134,17	248,50	42,00	129,50	-	-	-	-
PROD	2946,90	4000,72	2135,13	2851,22	676,92	2099,67	-	-

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixada curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Grupo A, B, C, D refere-se às médias que apresentaram a mesma letra pelo teste Scott-Knott a 5% de significância.

Segundo Sedyama et al. (2015) nas condições climáticas do Brasil, predominam cultivares com ciclo entre 90 e 150 dias. Na população F<sub>3</sub>-A as progênies avaliadas apresentaram NDF com variação de 36,67 a 45,33 dias, e o genótipo mais precoce apresentou ciclo de 111,67 dias e o mais tardio, 123 dias. Na população F<sub>3</sub>-B para os

mesmos caracteres apresentou NDF com variação de 30 a 36 dias, o genótipo mais precoce apresentou ciclo de 87,67 dias e o mais tardio 100,33 dias (TABELA 2).

Durante todo o período de cultivo da soja, as temperaturas entre 22°C e 24°C e a disponibilidade hídrica (FIGURA 1) foram propícias para o desenvolvimento da ferrugem asiática. A infecção do fungo, severidade e intensidade da epidemia ocorre quando há suscetibilidade do hospedeiro associado a temperaturas entre 15°C e 28°C, sendo ótima 21°C e disponibilidade hídrica para molhamento foliar (MEGETO et al., 2014).

Na TABELA 2, está representado o teste de médias para a severidade da ferrugem e a AACPD. Foi observado que a severidade da ferrugem oscilou de 2,44% a 21,89% entre as duas populações. Melo, Roese e Goulart (2015), estudando o comportamento de diferentes genótipos de soja quanto à resistência à ferrugem asiática-da-soja (FAS), em condições de campo, também observaram variação de 0,92% a 39,88% para severidade da ferrugem, valores similares ao presente estudo. Em outro estudo, Ribeiro et al. (2011) observaram valores superiores de severidade da ferrugem entre 26,18% a 49,95%, e afirmaram que a severidade é um caráter de variação contínua, logo, governado por genes menores, e que ocasionou variação entre as populações.

As avaliações de severidade servem de base para o cálculo da AACPD, assim seus resultados seguiram a mesma tendência dos dados discutidos acima. O progresso da doença entre as populações variou de 42,00 a 626,50. Na população F<sub>3</sub>-B o grupo B apresentou menores médias de progresso da doença para as progênies avaliadas, mostrando-se mais resistentes do que os demais (TABELA 2). Cruz et al. (2011) estudando a reação de 20 progênies F<sub>3</sub> de soja à infecção natural por ferrugem asiática, encontrou valores superiores de AACPD, oscilando de 1306,92 a 2116,11.

A alta produtividade de grãos é um dos principais alvos dos programas de melhoramento genético da soja. Segundo CONAB (2018) a média nacional é aproximadamente de 3,333 kg ha<sup>-1</sup>. Essa variação tem sido ocasionada principalmente pela distribuição de chuvas durante o período de estabelecimento da cultura e em razão da dificuldade do seu manejo adequado para doenças. A média de produtividade de soja no estado de Minas Gerais, onde foi realizado o experimento, é de 3500 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2018).

Observaram-se a formação de quatro grupos para produtividade de grãos na população F<sub>3</sub>-A, com variação de 251,28 a 4734,58 kg ha<sup>-1</sup>, e três grupos na população F<sub>3</sub>-B, com variação de 676,92 a 4000,72 kg ha<sup>-1</sup> (TABELA2). Outros autores observaram

produtividade de grãos entre seus genótipos de grandes amplitudes (TEIXEIRA, et al., 2017; VAL et al., 2017; LEITE et al., 2015).

O conhecimento das correlações é importante para medir o grau de associação entre variáveis e possibilitar avaliar o efeito de uma variável sobre as demais. Se a seleção de uma variável é dificultada pela baixa herdabilidade ou por problemas de mensuração e identificação, esse tipo de informação se torna fundamental nas diferentes etapas dos programas de melhoramento. A correlação que pode ser mensurada entre caracteres é a fenotípica, que é proveniente de causas genéticas e ambientais. (CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Na TABELA 3 estão os valores das correlações fenotípicas e genotípicas dos caracteres avaliados nas progênes F<sub>3</sub> provenientes de populações de soja.

TABELA 3. Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) e genotípicas ( $r_g$ ) de caracteres de progênes F<sub>3</sub> oriundas de duas populações de soja.

População A (UFUS 6901 x TMG 801)					
Caracteres	NDF	NDM	PROD	AACPD	SEV
NDF	$r_f$	0,41**	0,65**	0,26*	0,19 <sup>ns</sup>
	$r_g$	0,53 <sup>+</sup>	0,77 <sup>++</sup>	0,44 <sup>ns</sup>	0,35 <sup>ns</sup>
NDM	$r_f$		0,06 <sup>ns</sup>	0,30**	0,21*
	$r_g$		0,15 <sup>ns</sup>	0,53 <sup>ns</sup>	0,35 <sup>ns</sup>
PROD	$r_f$			0,02 <sup>ns</sup>	- 0,03 <sup>ns</sup>
	$r_g$			- 0,02 <sup>ns</sup>	- 0,07 <sup>ns</sup>
AACPD	$r_f$				0,96**
	$r_g$				0,93 <sup>+</sup>
População B (UFUS6901 x BSRGO7560)					
Caracteres	NDF	NDM	PROD	SEV	AACPD
NDF	$r_f$	0,25*	0,15 <sup>ns</sup>	- 0,14 <sup>ns</sup>	- 0,11 <sup>ns</sup>
	$r_g$	0,77 <sup>ns</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	- 0,20 <sup>ns</sup>	- 0,15 <sup>ns</sup>
NDM	$r_f$		0,03 <sup>ns</sup>	- 0,20 <sup>ns</sup>	- 0,15 <sup>ns</sup>
	$r_g$		0,94 <sup>+</sup>	- 0,89 <sup>+</sup>	- 0,69 <sup>ns</sup>
PROD	$r_f$			- 0,24*	- 0,22*
	$r_g$			- 0,49 <sup>+</sup>	- 0,41 <sup>ns</sup>
SEV	$r_f$				0,97**
	$r_g$				1,01 <sup>++</sup>

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos. \*\* e \* significativo a 1 e 5% pelo teste t, respectivamente. ++ e + significativo a 1 e 5% pelo bootstrap com 5000 simulações, respectivamente. ns: Não significativo.

Na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Quando a estimativa do coeficiente de correlações apresenta sinal positivo indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra

aumenta, correlações com sinal negativo indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA et al., 2012). Na TABELA 3, verificou-se a predominância das correlações genotípicas em relação às fenotípicas e de igual sinal, indicando maior influência genética do que ambiental sobre os caracteres (LEITE et al., 2016).

Na população F<sub>3</sub>-A e F<sub>3</sub>-B a maior correlação fenotípica e genotípica de mesmo sinal e significativa foi observada entre os caracteres de área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) com severidade da ferrugem asiática (TABELA 3). Segundo Falconer & Mackay (1996), uma das causas para a alta magnitude das correlações genéticas positivas possivelmente é a ocorrência de pleiotropismo, no qual um mesmo gene influencia na expressão de mais de um caráter, tal informação favorece a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, pela seleção em apenas um destes.

O caráter NDF na população F<sub>3</sub>-A apresentou correlações fenotípicas e genotípicas com o NDM (baixa magnitude e sinal positivo), correlação genotípica com PROD (sinal positivo e alta magnitude) e correlação fenotípica com a AACPD (baixa magnitude e sinal positivo). Na população F<sub>3</sub>-B foi observada correlação fenotípica significativa (sinal positivo e alta magnitude) para NDF com NDM (TABELA 3). Correlações fenotípicas e genotípicas positivas entre caracteres relacionados a ciclo com produtividade de grãos e severidade a ferrugem, demonstram a dificuldade de seleção de genótipos precoces, produtivos e com alta resistência a ferrugem asiática.

Na população F<sub>3</sub>-A, o NDM apresentou correlação fenotípica significativa e de sinal positivo com AACPD e SEV de baixa magnitude. E na população F<sub>3</sub>-B, observou-se correlações genotípicas do NDM com PROD (sinal positivo) e SEV (sinal negativo), ambos de alta magnitude (TABELA 3). Assim, é possível constatar que a seleção de genótipos precoces favorece a seleção de progênies com menor severidade a ferrugem.

Resultados divergentes foram obtidos por Bisinotto et al. (2017) que observou correlações fenotípicas baixa e negativa entre número de dias para florescimento e produtividade de grãos e correlações não significativas entre os caracteres de número de dias para o florescimento e número de dias para maturidade.

Almeida; Peluzio e Afferi (2010), estudando a correlação fenotípica e genotípica em oito caracteres na cultura da soja não encontraram correlações significativas entre os caracteres número de dias para a maturidade e produtividade de grãos, diferente do observado no presente estudo, no qual foi verificada uma correlação genotípica de alta magnitude entre esses caracteres.

Rodrigues et al. (2015) estudando correlações de caracteres em genótipos infectados naturalmente por *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow) encontraram resultados diferentes, em que as correlações fenotípicas foram de baixa magnitude entre os caracteres número de dias para maturidade e severidade da ferrugem.

A produtividade de grãos na população F<sub>3</sub>-B apresentou correlações genotípicas e fenotípicas com a severidade da ferrugem e correlação fenotípica com a AACPD, ambas significativas, sinal negativo e de baixa magnitude (TABELA 3). Dessa forma a seleção de genótipos com menores estimativas de severidade, ou seja, mais resistentes, favorece a obtenção de progênies com produtividades de grãos superiores. Resultados diferentes foram encontrados por Rodrigues et al. (2015), que não encontraram correlações fenotípicas significativas para produtividade de grãos e severidade da ferrugem asiática.

Em ambas as populações, a severidade da ferrugem com AACPD apresentou correlações fenotípicas e genotípicas de alta magnitude e sinal positivo, isso é um indicativo que a seleção de genótipos resistentes a ferrugem permite obter progênies que permitem o menor desenvolvimento da doença (TABELA 3).

A genética quantitativa tem proporcionado grande contribuição ao melhoramento genético, principalmente na tomada de decisão da melhor estratégia de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Nesse contexto, durante o desenvolvimento de novos genótipos pode-se praticar seleção direta e avaliar o reflexo nos outros caracteres pela seleção indireta. Neste estudo foi estabelecido como critério de seleção a redução para os caracteres NDF, NDM, SEV e AACPD e o incremento para PROD. Assim, os ganhos satisfatórios serão negativos para todos os caracteres, exceto PROD.

Na TABELA 4 estão apresentados os ganhos de seleção direta na diagonal para progênies F<sub>3</sub> provenientes das duas populações analisadas. Verificou-se que ao estabelecer a seleção para redução do ciclo vegetativo e total na população F<sub>3</sub>-A obteve-se ganhos de seleção negativos para NDF e NDM e ganho de seleção indireto também negativo para SEV e AACPD, possibilitando a seleção de genótipos precoces e resistentes. Por outro lado, na população F<sub>3</sub>-B considerando também o ciclo, observou ganho de seleção indireto positivo e inferior a 2% para SEV, AACPD e PROD (TABELA 4).

TABELA 4. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies F<sub>3</sub> de duas populações de soja.

POPULAÇÃO A (UFUS 6901 x TMG 801)					
Caracteres	GS%				
	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
NDF	- <b>7,04</b>	- 4,98	- 2,16	- 2,88	4,29
NDM	- 1,24	- <b>2,37</b>	- 1,12	- 1,07	0,53
SEV	- 0,71	- 1,37	- <b>5,1</b>	- 4,96	- 0,35
AACPD	- 1,33	- 1,68	- 6,4	- <b>6,53</b>	- 0,27
PROD	- 19,4	- 13,89	- 2,43	- 8,3	<b>40,41</b>
Total	- 29,72	- 24,29	- 17,21	- 23,74	44,61
POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)					
Caracteres	GS%				
	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
NDF	- <b>3,92</b>	- 1,41	1,48	1,36	0,48
NDM	- 0,07	- <b>0,27</b>	0,06	0,08	0,03
SEV	- 0,23	1,96	- <b>10,42</b>	- 10,18	- 2,98
AACPD	- 0,73	1,47	- 9,53	- <b>9,55</b>	- 2,68
PROD	- 0,69	0,9	4,39	4,45	<b>18,61</b>
Total	- 4,26	2,65	- 14,02	- 13,84	13,46

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos. Valores em negrito correspondem ao ganho de seleção direto do caráter.

Resultados semelhantes foram encontrados por Bárbaro et al. (2007) para os mesmos caracteres, encontrando ganhos de seleção direto de -4,75 para NDF e -3,57 para NDM. Akram et al. (2011), encontraram ganhos de seleção direta para NDF de 0,16 e para NDM de 0,19, diferente dos resultados encontrados no presente trabalho. Costa et al. (2004) e Bizari et al. (2017), também indicaram alto ganho de seleção predito na seleção direta de produtividade de grãos. Bizari et al. (2017) obtiveram ganhos de seleção semelhantes aos do presente estudo, variando entre 3,29% para número de dias até a maturidade e 35,70% para produtividade de grãos, confirmando que a produtividade de grãos apresentou um dos maiores ganhos e número de dias para maturidade manteve o menor ganho de seleção.

Pelos critérios de seleção direta foram selecionadas 20 progênies F<sub>3</sub> de cada população, cujas cinco superiores em relação à produtividade estão apresentadas nas TABELAS 5 e 6.

TABELA 5. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-A.

POPULAÇÃO A (UFUS 6901 x TMG 801)					
Genótipos	NDF	Genótipos	NDM	Genótipos	SEV
UFUS FB 03	36,67	UFUS FB 09	112,67	UFUS FB 21	6,11
UFUS FB 07	37,00	UFUS FB 13	112,33	UFUS FB 23	5,78
UFUS FB 11	37,00	UFUS FB 17	112,67	UFUS FB 51	6,67
UFUS FB 53	37,00	UFUS FB 18	113,00	UFUS FB 60	6,00
UFUS FB 85	37,00	UFUS FB 22	113,00	UFUS FB 61	4,66
<b>UFUS 6901</b>	31,00	<b>UFUS 6901</b>	90,33	<b>UFUS 6901</b>	7,22
<b>TMG 801</b>	43,00	<b>TMG 801</b>	122,33	<b>TMG 801</b>	7,45
Genótipos	AACPD	Genótipos	PROD		
UFUS FB 01	169,17	UFUS FB 12	4587,76		
UFUS FB 21	157,50	UFUS FB 32	3937,28		
UFUS FB 23	165,67	UFUS FB 42	4576,35		
UFUS FB 51	175,00	UFUS FB 68	4734,58		
UFUS FB 61	130,67	UFUS FB 84	3935,46		
<b>UFUS 6901</b>	87,50	<b>UFUS 6901</b>	1896,25		
<b>TMG 801</b>	206,00	<b>TMG 801</b>	3279,45		

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos.

Aplicando-se a seleção direta foi verificado que a população F<sub>3</sub>-A não apresentou progenies com mais de um caráter favorável, mas superiores às testemunhas quanto à produtividade (TABELA 5). Na progênie da população F<sub>3</sub>-B, a UFUS FB 44 foi a que reuniu mais caracteres favoráveis, pois apresentou elevada produtividade e resistência à ferrugem (TABELA 6).

Para o desenvolvimento de um novo material genético, os programas de melhoramento selecionam genótipos superiores não apenas para um ou poucos caracteres, mas para vários outros atributos de acordo com a demanda do mercado consumidor. A teoria dos índices de seleção é uma maneira alternativa para a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de interesse econômico (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ROSADO et al., 2012).

TABELA 6. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-B.

POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)					
Genótipos	NDF	Genótipos	NDM	Genótipos	SEV
UFUS FB 16	30,00	UFUS FB 56	90,00	UFUS FB 30	2,89
UFUS FB 72	30,00	UFUS FB 57	88,33	UFUS FB 32	2,44
UFUS FB 73	30,00	UFUS FB 62	89,67	UFUS FB 36	2,67
UFUS FB 77	30,00	UFUS FB 63	88,67	UFUS FB 39	3,00
UFUS FB 85	30,67	UFUS FB 66	87,67	UFUS FB 44	2,44
<b>UFUS 6901</b>	29,67	<b>UFUS 6901</b>	91,00	<b>UFUS 6901</b>	8,67
<b>BRSGO 7560</b>	33,33	<b>BRSGO 7560</b>	85,33	<b>BRSGO 7560</b>	13,11
Genótipos	AACPD	Genótipos	PROD		
UFUS FB 32	42,00	UFUS FB 31	3388,05		
UFUS FB 36	49,00	UFUS FB 37	4000,72		
UFUS FB 39	47,83	UFUS FB 38	3491,99		
UFUS FB 44	42,00	UFUS FB 42	3473,45		
UFUS FB 83	51,33	UFUS FB 44	3737,67		
<b>UFUS 6901</b>	109,67	<b>UFUS 6901</b>	2314,18		
<b>BRSGO 7560</b>	168,00	<b>BRSGO 7560</b>	2851,22		

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos.

O índice de seleção é uma alternativa, estabelecido pela combinação de valores satisfatórios para diversos caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Atualmente, existem várias propostas para obtenção de índices de seleção, dependendo do objetivo do melhorista.

Alguns autores estudando outros índices de seleção na cultura da soja encontraram resultados favoráveis à seleção de genótipos superiores no índice baseado na soma de “ranks” e na distância genótipo-ideótipo (ARNHOLD et al., 2009; LEITE et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017).

As estimativas de ganhos com seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” proposto por Mulamba & Mock (1978) e o índice da distância genótipo-ideótipo estão apresentados na TABELA 7.

Bizari et al. (2017), ao compararem diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou os maiores ganhos que os demais, em semelhança ao constatado nesse estudo.

Nas populações avaliadas verificou-se que a seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores para a maioria caracteres, em relação à utilização dos índices de seleção (TABELA 7). Os ganhos com base na soma de “ranks” proporcionaram



estimativas de ganho de seleção próximas às encontrados pela seleção direta para os caracteres de interesse.

Os ganhos baseados na distância genótipo-ideótipo apresentaram valores para alguns caracteres, como NDF, NDM e PROD, distantes daqueles encontrados nos ganhos de seleção direta (TABELA 7). Assim, a seleção baseada em índice da soma de “ranks” é amais indicada para a seleção de genótipos superiores que reúnem um conjunto de caracteres favoráveis.

TABELA 7. Estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção de índices de seleção proposta por Mulamba & Mock (1978) e na distância genótipo-ideótipo, em progênies F<sub>3</sub> em duas populações de soja.

Caracteres	GS%			
	POPULAÇÃO A		POPULAÇÃO B (UFUS 6901 x BRS GO 7560)	
	(UFUS 6901 x TMG 801)			
	Mulamba & Mock (1978)	Distância genótipo-ideótipo	Mulamba & Mock (1978)	Distância genótipo-ideótipo
NDF	- 2,3	- 2,71	- 2,26	3,1
NDM	- 1,4	- 1,74	- 0,08	0,17
SEV	- 4,5	- 4,41	- 6,58	- 5,55
AACPD	- 5,77	- 5,71	- 6,26	- 4,53
PROD	1,69	3,56	8,12	14,91
<b>Total</b>	- 12,28	- 11,01	- 7,06	8,1

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos.

Ao adotar como critério de seleção o índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock e o índice da distância genótipo-ideótipo, foram selecionadas em cada população progênies F<sub>3</sub>, das quais as cinco superiores em relação à produtividade de grãos estão representadas na TABELA 8.

Nas duas populações verificou-se que todos os genótipos selecionados são superiores às cultivares UFUS6901, TMG 801 e BRS GO 7560 quanto à produtividade. Na população F<sub>3</sub>-A, os genótipos UFUS FB 12, UFUS FB 32, e na população F<sub>3</sub>-B, o genótipo UFUS FB 37 foram selecionadas em ambos os métodos de seleção (TABELA 8), verificando a real superioridade desses genótipos.

TABELA 8. Progenies superiores selecionadas pelo índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock e índice da distância genótipo-ideótipo.

<b>População A (UFUS 6901 x TMG 801)</b>					
<b>Mulamba &amp; Mock (1978)</b>					
<b>Genótipos</b>	<b>NDF</b>	<b>NDM</b>	<b>SEV</b>	<b>AACP</b>	<b>PROD</b>
UFUS FB 12	42,33	121,67	10,22	282,33	4587,76
UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
UFUS FB 43	44,67	121,67	9,67	288,17	3442,57
UFUS FB 86	42,67	121,00	10,55	320,83	3234,23
<b>Distância Genótipo-Ideótipo</b>					
<b>Genótipos</b>	<b>NDF</b>	<b>NDM</b>	<b>SEV</b>	<b>AACP</b>	<b>PROD</b>
UFUS FB 05	40,00	121,67	10,78	311,50	3286,50
UFUS FB 12	42,33	121,67	10,22	282,33	4587,76
UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
UFUS FB 68	45,33	122,33	8,33	227,50	4734,58
UFUS6901	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
TMG 801	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45
<b>População B (UFUS 6901 x BRSGO 7560)</b>					
<b>Mulamba &amp; Mock (1978)</b>					
<b>Genótipos</b>	<b>NDF</b>	<b>NDM</b>	<b>SEV</b>	<b>AACP</b>	<b>PROD</b>
UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
UFUS FB 57	31,67	88,33	6,44	98,00	3211,21
<b>Distância Genótipo-Ideótipo</b>					
<b>Genótipos</b>	<b>NDF</b>	<b>NDM</b>	<b>SEV</b>	<b>AACP</b>	<b>PROD</b>
UFUS FB 31	35,00	94,67	7,00	115,50	3388,05
UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
UFUS FB 38	31,33	98,00	6,44	98,00	3491,99
UFUS FB 42	35,00	99,33	7,44	106,17	3473,45
UFUS FB 44	36,00	99,00	2,44	42,00	3737,67
UFUS6901	29,67	91,00	8,67	109,67	2314,18
BRSGO 7560	33,33	85,33	13,11	168,00	2851,22

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; SEV: severidade da ferrugem asiática; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença; PROD: produtividade de grãos.

#### 4. CONCLUSÕES

A herdabilidade para número de dias para o florescimento para a população UFUS 6901 x TMG 801 (F<sub>3</sub>-A) e para UFUS 6901 x BRSGO 7560 (F<sub>3</sub>-B) foi de 83,79% e 74,74%, respectivamente. A população F<sub>3</sub>-A apresentou também herdabilidade elevada para produtividade de grãos, de 87,95%.

As correlações fenotípicas e genotípicas entre severidade da ferrugem e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foram positivas e superiores a 0,9 em ambas as populações.

A progênie UFUS FB 44 da população F<sub>3</sub>-B, quando aplicada seleção direta, foi a que reuniu mais caracteres favoráveis, pois apresentou produtividade de 3737,67 kg.ha<sup>-1</sup> superior ao das testemunhas que variou de 2314,18 a 2851,22 kg.ha<sup>-1</sup> e severidade à ferrugem asiática de 2,44, na qual foi inferior as testemunhas que oscilou de 8,67 a 13,11.

Na população F<sub>3</sub>-A, os genótipos UFUS FB 12, UFUS FB 32, e, na população F<sub>3</sub>-B, o genótipo UFUS FB 37, foram selecionados tanto para o índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock quanto para o índice da distância genótipo-ideótipo, verificando a real superioridade desses genótipos quanto à produtividade.

## REFERÊNCIAS

AKRAM, R. M.; FARES, W. M.; FATEH, S. A.; RIZK, A. M. Genetic variability, correlation and path analysis in soybean. **Egyptian Journal of Plant Breeding**, Giza, v. 15, n. 1, p. 89-102, 2011.

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

<https://doi.org/10.4322/rca.2013.014>

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 26, n. 1, p. 95-99, Jan./Feb. 2010.

<https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>

ARNHOLD, E.; SILVA, R. G. Eficiências relativas de índices de seleção considerando espécies vegetais e pesos econômicos iguais entre caracteres. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 25, n. 3, 2009.

BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. C.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; MUNIZ, F. R. S.; SILVEIRA, D. D.; SARTI, D. G. P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v.35, n.2, p.136-145, 2007.

BISINOTTO, F. F.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; GLANSENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. L. Path analysis and traits correlation in soybean. **Communications in Plant Sciences**, Jaboticabal, v. 7, p. 7, 2017.

<https://doi.org/10.26814/cps2017005>

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; & UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19, Terceiro levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento** v. 6, Brasília, p. 1-127, 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 04 jan 2019.

CONTINI, E.; GAZZONI, D.; ARAGÃO, A.; MOTA, M.; MARRA, R. Parte 1: Complexo Soja - Caracterização e Desafios Tecnológicos. **Embrapa: Série desafios do agronegócio brasileiro**, Londrina, 2018.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção

em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.

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.

<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, M. F. A.; SOUZA, G. A. S.; RODRIGUES, F. A.; SEDIYAMA, C. S. BARROS, E. G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.46, n.2, p.215-218, fev. 2011.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011000200015>

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 11, n. 1, p. 033-042, 2010.

<https://doi.org/10.5380/rsa.v11i1.15941>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, v. 80, p. 1-12, 1977.

FERREIRA JÚNIOR, J.A.; ESPINDOLA, S.M.C.G.; GONÇALVES, D.A.R.; LOPES, E.W. Avaliação de genótipos de soja em diferentes épocas de plantio e densidade de semeadura no Município de Uberaba – MG. **FAZU em Revista**, Uberaba, n.7, p.13-21, 2010.

FINOTO, E. L.; CARREGA, W. C.; SEDIYAMA, T.; DE ALBUQUERQUE, J. A. A.; CECON, P. R.; REIS, M. S. Efeito da aplicação de fungicida sobre caracteres agronômicos e severidade das doenças de final de ciclo na cultura da soja. **Revista Agroambiente Online**, Boa Vista, RR, v. 5, n. 1, p. 44-49, 2011.

<https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v5i1.418>

GATUT WAHYU, A. S.; MANGOENDIDJOJO, W.; YUDONO, P.; KASNO, A. Mode of inheritance of genes control maturity in soybean. **ARPN Journal of Agricultural and Biological Science**, [s.l.], v. 9, n. 5, p. 178-182, 2014.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663p.

[https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0\\_12](https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0_12)

JULIATTI, F.C.; RESENDE, A.A.; ALVIM JÚNIOR, M.G.; ALVIM, M.S.; SILVA, P.S.; JULIATTI, B.C.M.; PARREIRA, F.O.S. Eficiência dos fungicidas aprovados na RPSRCB no controle da ferrugem asiática da soja, em Uberaba –MG. Universidade Federal de Uberlândia, p.79-91. In: **Documentos...** Embrapa-Soja, Resultados dos ensaios cooperativos para o controle da ferrugem asiática da soja, safra 2008-9, Londrina: Embrapa Soja, 2009.

KLOSOWSKI, A.C.; MAY DE MIO, L.L.; MIESSNER, S.; RODRIGUES, R.; E STAMMLER, G. Detection of the F129L mutation in the cytochrome b gene in *Phakopsora pachyrhizi*. **Pest Management Science**, [s.l] v. 72, n. 6, p. 1211–1215, 2016. <https://doi.org/10.1002/ps.4099>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LEITE, W. S.; W., PAVAN, B. E., FILHO, C. H. A. M., FEITOSA, F. S., de OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa, Sinop**, Mato Grosso, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015. <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

MACHADO, B. Q. V., NOGUEIRA, A. P. O., HAMAWAKI, O. T., REZENDE, G. F., JORGE, G. L., SILVEIRA, I. C., MEDEIROS, L. A., HAMAWAKI, R. L., HAMAWAKI, C. D. L. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16029696>

MAPHOSA, M.; TALWANA, H.; TUKAMUHABWA, P. Assessment of comparative virulence and resistance in soybean using field isolates of soybean rust. **Journal of Agricultural Science**, Toronto, v. 5, n. 5, p. 249–257, 2013. <https://doi.org/10.5539/jas.v5n5p249>

MATTOS, T. P. **Herança da produtividade e caracteres agrônômicos**. 74f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MEGETO, G. A. S. OLIVEIRA, S. R. de M.; DEL PONTE, E. M.; MEIRA, C. A. A. 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. <https://doi.org/10.1590/S0100-69162014000300021>

MELO, C. L. P.; ROESE, A. D.; GOULART, A. C. P. Tolerância de genótipos de soja à ferrugem-asiática. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.45, n.8, p.1353-1360, 2015. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20141309>

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 1, p. 14-21, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003>

MOURA, B.; BOLLER, W.; DEUNER, C. In vitro determination of fungicide inhibitory 449 concentration for *Phakopsora pachyrhizi* isolates. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 42, n. 4, p. 1-2, 2016.

<https://doi.org/10.1590/0100-5405/2097>

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, Â. de F.B.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora da UFLA, 2012. 522p.

RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; PORTELA, C.; UBIRAJARA VIEIRA MOREIRA, U. V.; RACHID, B. F.; WACELKOSKI, S.; SILVA, J. B. S. **Seleção Natural vs. Seleção Artificial em Populações de Soja sob Ataque da Ferrugem Asiática**. Embrapa Soja, Londrina, PR, Brasil, 2011.

REIS, E. M.; REIS, A. C.; ZANATTA, M.; SILVA, L. H. C. P.; SIQUERI, F. V.; SILVA, J. R. C. **Evolução de redução de sensibilidade de *Phakopsora pachyrhizi* a fungicidas e estratégias para recuperar a eficiência do controle**. 3.ed. Passo Fundo: Berthier, 2017. 104 p.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9 p. 347-353, 2014.

ROCHA, F., VIEIRA, C. C., FERREIRA, M. C., DE OLIVEIRA, K. C., MOREIRA, F. F., & PINHEIRO, J. B. Selection of soybean lines exhibiting resistance to stink bug complex in distinct environments. **Food and Energy Security**, [s.l.], v. 4, n. 2, p.133-143, 2015.

<https://doi.org/10.1002/fes3.57>

RODRIGUES, B.; NOGUEIRA, A. P.; HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, R. L. Correlations between traits in soybean (*Glycine max* L.) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 17718-17729, 2015.

<https://doi.org/10.4238/2015.December.21.45>

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SAGATA, E. Parâmetros genéticos dos genótipos de soja desenvolvidos pela UFU. **Revista Verde**, Mossoró, RN, v. 6, n. 5, p. 220- 225, 2011.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP. Características agronômicas de cultivares. *In: Melhoria genética da soja*. Londrina: Mecen, 2015.

SHANER, G.; FINNEY, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology**, St. Paul, MN v. 70, p. 1183-1186, 1977.

<https://doi.org/10.1094/Phyto-67-1051>

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, Campinas, SP, v. 70, p. 753-758, 2011.

<https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000400004>

TEIXEIRA, F. G., HAMAWAKI, O. T., NOGUEIRA, A. P. O., HAMAWAKI, R. L., JORGE, G. L., HAMAWAKI, C. L., ... & SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017.

<https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

VAL, B. H. P., DA SILVA, F. M., BIZARI, E. H., DE SOUSA LEITE, W., GROLI, E. L., DE MATOS PEREIRA, E., UNÊDA-TREVISOLI, S. H., DI MAURO, A. O. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. **African Journal of Biotechnology**, Lagos, v. 16, n. 8, p. 328-336, 2017.

<https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57 p. 205-210, 2010.

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VIANNA, V. F.; DESIDERIOSUP, J. A.; DE SANTIAGOSUP, S.; JUNIORSUP, J. A. F.; FERRAUDOSUP, A. S. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l.], v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.

YAMANAKA, N.; LEMOS, N. G.; UNO, M.; AKAMATSU, H.; YAMAOKA, Y.; ABDELNOOR, R. V.; BRACCINI, A. L.; SUENAGA, K. Resistance to Asian soybean rust in soybean lines with the pyramided three Rpp genes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 1, p. 75-82, 2013.

<https://doi.org/10.1590/S1984-70332013000100009>



## ANEXOS

TABELA 1A. Médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

Progênies	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 01	37,33	b	121,33	a	7,22	a	169,17	a	805,13	d
UFUS FB 02	37,33	b	121,33	a	7,22	a	180,83	a	871,79	d
UFUS FB 03	36,67	b	111,67	b	8,33	a	239,17	a	948,72	d
UFUS FB 04	37,33	b	121,33	a	11,67	a	262,50	a	1892,77	c
UFUS FB 05	40,00	b	121,67	a	10,78	a	311,50	a	3286,50	b
UFUS FB 06	38,00	b	120,33	a	14,45	a	420,00	a	3065,73	b
UFUS FB 07	37,00	b	121,00	a	11,33	a	340,67	a	1102,56	d
UFUS FB 08	38,67	b	122,67	a	12,78	a	367,50	a	1051,28	d
UFUS FB 09	40,00	b	112,67	b	18,89	a	501,67	a	1292,48	c
UFUS FB 10	42,00	a	122,00	a	11,89	a	334,83	a	3181,91	b
UFUS FB 11	37,00	b	121,00	a	10,56	a	285,83	a	312,82	d
UFUS FB 12	42,33	a	121,67	a	10,22	a	282,33	a	4587,76	a
UFUS FB 13	39,67	b	112,33	b	8,56	a	264,83	a	1743,59	c
UFUS FB 14	41,00	b	122,67	a	12,22	a	326,67	a	3263,18	b
UFUS FB 15	42,00	a	122,00	a	11,89	a	358,17	a	2325,85	b
UFUS FB 16	38,67	b	122,67	a	12,22	a	315,00	a	779,49	d
UFUS FB 17	40,00	b	112,67	b	10,00	a	268,33	a	996,30	d
UFUS FB 18	38,00	b	113,00	b	14,67	a	434,00	a	1344,99	c
UFUS FB 19	39,00	b	114,00	b	8,44	a	252,00	a	1646,15	c
UFUS FB 20	39,00	b	114,00	b	9,44	a	250,83	a	1210,26	c
UFUS FB 21	38,33	b	122,33	a	6,11	a	157,50	a	1061,54	d
UFUS FB 22	38,00	b	113,00	b	14,44	a	408,33	a	2242,80	b
UFUS FB 23	38,00	b	113,00	b	5,78	a	165,67	a	666,67	d
UFUS FB 24	38,67	b	122,67	a	10,56	a	297,50	a	1225,64	c
UFUS FB 25	38,33	b	122,33	a	14,45	a	373,33	a	866,67	d
UFUS FB 26	38,33	b	122,33	a	16,66	a	455,00	a	543,59	d
UFUS FB 27	38,67	b	122,67	a	12,22	a	338,33	a	374,36	d
UFUS FB 28	39,00	b	123,00	a	18,33	a	530,83	a	1030,77	d
UFUS FB 29	45,33	a	122,33	a	10,55	a	285,83	a	2900,09	b
UFUS FB 30	44,00	a	121,00	a	13,89	a	379,17	a	2110,44	c
UFUS FB 31	45,00	a	122,00	a	16,89	a	480,67	a	1410,26	c
UFUS FB 32	44,67	a	121,67	a	8,00	a	200,67	a	3937,28	a
UFUS FB 33	42,00	a	121,33	a	8,55	a	241,50	a	2983,02	b
UFUS FB 34	42,67	a	122,67	a	14,67	a	410,67	a	1235,90	c
UFUS FB 35	44,33	a	121,33	a	11,33	a	270,67	a	3379,97	b

...continua...

TABELA 1A. Cont. Médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

Progênies	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 36	44,33	a	121,33	a	13,33	a	350,00	a	1899,11	c
UFUS FB 37	38,00	b	122,00	a	13,89	a	332,50	a	830,77	d
UFUS FB 38	38,67	b	122,67	a	11,11	a	291,67	a	1811,95	c
UFUS FB 39	43,33	a	122,00	a	16,11	a	425,83	a	1915,64	c
UFUS FB 40	45,33	a	122,33	a	11,66	a	297,50	a	3575,68	b
UFUS FB 41	44,33	a	122,33	a	13,56	a	399,00	a	1538,46	c
UFUS FB 42	45,33	a	122,33	a	17,45	a	474,83	a	4576,35	a
UFUS FB 43	44,67	a	121,67	a	9,67	a	288,17	a	3442,57	b
UFUS FB 44	45,00	a	122,00	a	13,34	a	350,00	a	1600,00	c
UFUS FB 45	38,67	b	122,67	a	17,22	a	495,83	a	1358,97	c
UFUS FB 46	43,00	a	121,33	a	12,22	a	303,33	a	3334,75	b
UFUS FB 47	40,67	b	122,33	a	14,67	a	410,67	a	620,51	d
UFUS FB 48	38,00	b	122,00	a	7,78	a	198,33	a	317,95	d
UFUS FB 49	40,67	b	121,33	a	15,00	a	367,50	a	3150,30	b
UFUS FB 50	37,67	b	121,67	a	10,56	a	297,50	a	979,49	d
UFUS FB 51	39,00	b	120,67	a	6,67	a	175,00	a	1128,20	d
UFUS FB 52	38,67	b	122,67	a	15,00	a	344,17	a	1117,95	d
UFUS FB 53	37,00	b	121,00	a	21,89	a	626,50	a	374,36	d
UFUS FB 54	44,33	a	121,33	a	15,55	a	431,67	a	2746,22	b
UFUS FB 55	43,67	a	122,00	a	13,89	a	309,17	a	2304,79	b
UFUS FB 56	38,33	b	122,33	a	12,22	a	361,67	a	866,67	d
UFUS FB 57	40,67	b	122,33	a	17,44	a	439,83	a	251,28	d
UFUS FB 58	38,67	b	122,67	a	11,11	a	291,67	a	297,44	d
UFUS FB 59	45,00	a	122,67	a	16,33	a	474,83	a	2338,34	b
UFUS FB 60	38,67	b	122,67	a	6,00	a	179,67	a	1784,62	c
UFUS FB 61	38,33	b	122,33	a	4,66	a	130,67	a	1025,64	d
UFUS FB 62	38,00	b	122,00	a	18,33	a	484,17	a	1338,46	c
UFUS FB 63	45,33	a	122,33	a	18,33	a	484,17	a	2288,55	b
UFUS FB 64	45,00	a	122,00	a	9,67	a	276,50	a	2995,79	b
UFUS FB 65	44,33	a	121,33	a	12,78	a	390,83	a	2836,92	b
UFUS FB 66	44,00	a	121,67	a	11,11	a	303,33	a	2810,25	b
UFUS FB 67	37,67	b	121,67	a	11,00	a	313,83	a	1317,95	c
UFUS FB 68	45,33	a	122,33	a	8,33	a	227,50	a	4734,58	a
UFUS FB 69	40,33	b	122,00	a	7,22	a	192,50	a	523,08	d
UFUS FB 70	45,33	a	122,33	a	16,89	a	492,33	a	1996,28	c

...continua...

TABELA 1A. Cont. Médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

Progênies	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 71	44,67	a	122,33	a	10,78	a	323,17	a	3370,22	b
UFUS FB 72	38,67	b	122,67	a	10,22	a	270,67	a	969,23	d
UFUS FB 73	38,33	b	122,33	a	9,11	a	247,33	a	533,33	d
UFUS FB 74	38,33	b	122,33	a	9,44	a	262,50	a	1061,54	d
UFUS FB 75	38,33	b	122,33	a	11,89	a	334,83	a	625,64	d
UFUS FB 76	38,67	b	122,67	a	11,33	a	282,33	a	415,39	d
UFUS FB 77	42,00	a	122,00	a	12,45	a	352,33	a	3079,61	b
UFUS FB 78	42,67	a	122,00	a	10,78	a	299,83	a	3028,29	b
UFUS FB 79	41,00	b	122,67	a	14,45	a	338,33	a	1292,31	c
UFUS FB 80	44,33	a	121,33	a	8,00	a	247,33	a	2190,45	b
UFUS FB 81	45,00	a	122,00	a	11,11	a	291,67	a	1723,08	c
UFUS FB 82	38,33	b	122,33	a	14,67	a	434,00	a	661,54	d
UFUS FB 83	42,67	a	122,67	a	11,33	a	317,33	a	2875,12	b
UFUS FB 84	44,67	a	122,33	a	12,78	a	344,17	a	3935,46	a
UFUS FB 85	37,00	b	121,00	a	8,55	a	253,17	a	323,08	d
UFUS FB 86	42,67	a	121,00	a	10,55	a	320,83	a	3234,23	b
UFUS FB 87	41,00	b	121,67	a	13,55	a	410,67	a	3260,85	b
UFU 6901	31,00	b	90,33	c	7,22	a	87,50	a	1896,25	c
TMG 801	43,00	a	122,33	a	7,45	a	206,50	a	3279,45	b

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1B. Médias das progênes F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Progênes	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 01	31,67	c	94,00	a	7,22	b	99,17	b	866,67	c
UFUS FB 02	32,00	c	96,67	a	8,34	b	134,17	a	943,59	c
UFUS FB 03	33,33	b	94,67	a	5,45	b	78,17	b	923,08	c
UFUS FB 04	32,00	c	94,33	a	5,78	b	100,33	b	1189,74	c
UFUS FB 05	33,67	b	96,00	a	13,89	a	192,50	a	943,59	c
UFUS FB 06	33,33	b	96,33	a	10,33	a	138,83	a	1369,23	c
UFUS FB 07	32,00	c	97,33	a	5,44	b	78,17	b	1219,06	c
UFUS FB 08	31,67	c	93,00	a	8,11	b	103,83	b	2343,41	b
UFUS FB 09	31,00	c	92,33	a	14,66	a	217,00	a	2304,33	b
UFUS FB 10	31,67	c	100,33	a	9,33	a	165,67	a	998,88	c
UFUS FB 11	33,67	b	95,33	a	11,78	a	172,67	a	1856,53	c
UFUS FB 12	33,00	b	92,67	a	11,67	a	169,17	a	1832,65	c
UFUS FB 13	33,00	b	97,67	a	13,33	a	175,00	a	1840,58	c
UFUS FB 14	32,00	c	96,00	a	11,66	a	157,50	a	1701,50	c
UFUS FB 15	34,33	a	93,33	a	6,89	b	100,33	b	2593,57	b
UFUS FB 16	30,00	c	95,00	a	8,33	b	110,83	b	1683,40	c
UFUS FB 17	31,00	c	93,00	a	5,89	b	92,17	b	1602,22	c
UFUS FB 18	31,33	c	94,67	a	9,22	a	127,17	b	820,51	c
UFUS FB 19	31,00	c	91,00	a	4,67	b	65,33	b	1910,35	c
UFUS FB 20	31,33	c	93,00	a	10,67	a	137,67	a	1976,10	c
UFUS FB 21	31,00	c	93,00	a	11,45	a	150,50	a	1547,61	c
UFUS FB 22	31,67	c	93,67	a	9,67	a	129,50	b	1610,02	c
UFUS FB 23	31,67	c	93,67	a	7,45	b	129,50	b	1969,77	c
UFUS FB 24	33,33	b	93,33	a	17,89	a	248,50	a	1880,17	c
UFUS FB 25	32,00	c	94,00	a	12,22	a	175,00	a	1449,18	c
UFUS FB 26	31,33	c	95,00	a	5,78	b	100,33	b	1504,88	c
UFUS FB 27	31,33	c	92,00	a	13,89	a	192,50	a	2482,93	b
UFUS FB 28	31,33	c	92,67	a	11,44	a	150,50	a	1634,57	c
UFUS FB 29	33,67	b	94,00	a	5,33	b	74,67	b	1409,15	c
UFUS FB 30	35,00	a	95,67	a	2,89	b	56,00	b	2345,43	b
UFUS FB 31	35,00	a	94,67	a	7,00	b	115,50	b	3388,05	a
UFUS FB 32	33,00	b	95,00	a	2,44	b	42,00	b	3030,69	a
UFUS FB 33	34,33	a	97,67	a	3,89	b	64,17	b	1914,72	c
UFUS FB 34	31,00	c	97,67	a	4,22	b	63,00	b	3190,66	a
UFUS FB 35	35,00	a	97,67	a	4,67	b	77,00	b	2290,42	b

...continua...

TABELA 1B. Cont. Médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Progênies	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 36	33,33	b	98,00	a	2,67	b	49,00	b	2267,98	b
UFUS FB 37	32,67	b	97,67	a	4,00	b	67,67	b	4000,72	a
UFUS FB 38	31,33	c	98,00	a	6,44	b	98,00	b	3491,99	a
UFUS FB 39	33,33	b	97,00	a	3,00	b	47,83	b	2640,81	b
UFUS FB 40	33,67	b	93,67	a	3,89	b	64,17	b	2135,13	b
UFUS FB 41	33,00	b	97,00	a	6,33	b	94,50	b	2946,90	a
UFUS FB 42	35,00	a	99,33	a	7,44	b	106,17	b	3473,45	a
UFUS FB 43	32,33	c	96,00	a	5,45	b	89,83	b	3085,11	a
UFUS FB 44	36,00	a	99,00	a	2,44	b	42,00	b	3737,67	a
UFUS FB 45	31,00	c	92,67	a	5,67	b	96,83	b	2379,51	b
UFUS FB 46	33,00	b	95,33	a	9,89	a	148,17	a	2220,20	b
UFUS FB 47	34,00	b	92,33	a	7,45	b	94,50	b	1394,87	c
UFUS FB 48	31,00	c	92,33	a	12,22	a	175,00	a	1005,13	c
UFUS FB 49	32,00	c	96,67	a	14,78	a	185,50	a	1864,44	c
UFUS FB 50	31,00	c	91,00	a	11,45	a	162,17	a	1832,57	c
UFUS FB 51	34,00	b	96,00	a	7,89	b	108,50	b	1693,97	c
UFUS FB 52	31,67	c	93,33	a	14,11	a	211,17	a	2161,31	b
UFUS FB 53	31,67	c	91,00	a	8,33	b	122,50	b	1476,93	c
UFUS FB 54	32,00	c	93,67	a	4,33	b	66,50	b	1740,82	c
UFUS FB 55	32,33	c	94,33	a	11,00	a	194,83	a	1553,85	c
UFUS FB 56	33,67	b	90,00	a	11,22	a	155,17	a	2099,67	c
UFUS FB 57	31,67	c	88,33	a	6,44	b	98,00	b	3211,21	a
UFUS FB 58	31,33	c	92,00	a	9,00	b	155,17	a	2636,93	b
UFUS FB 59	32,33	c	97,33	a	16,78	a	248,50	a	1655,75	c
UFUS FB 60	33,00	b	95,00	a	7,22	b	99,17	b	1609,27	c
UFUS FB 61	31,00	c	91,00	a	4,33	b	66,50	b	1737,79	c
UFUS FB 62	31,33	c	89,67	a	4,78	b	80,50	b	2413,79	b
UFUS FB 63	32,67	b	88,67	a	9,22	a	115,50	b	2217,62	b
UFUS FB 64	33,33	b	99,67	a	8,67	b	119,00	b	1509,02	c
UFUS FB 65	31,33	c	97,00	a	8,56	b	129,50	b	1890,66	c
UFUS FB 66	34,00	b	87,67	a	11,44	a	162,17	a	1528,20	c
UFUS FB 67	31,67	c	95,67	a	10,00	a	140,00	a	676,92	c
UFUS FB 68	31,00	c	97,00	a	8,56	b	117,83	b	2432,38	b
UFUS FB 69	33,00	b	94,33	a	7,78	b	128,33	b	1193,91	c
UFUS FB 70	32,33	c	91,67	a	10,22	a	158,67	a	866,67	c

...continua...

TABELA 1B. Cont. Médias das progênies F<sub>3</sub> provenientes da população F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Progênies	Caracteres									
	NDF		NDM		SEV		AACPD		PROD	
UFUS FB 71	31,33	c	93,00	a	15,22	a	222,83	a	1569,23	c
UFUS FB 72	30,00	c	94,67	a	10,11	a	155,17	a	2027,66	c
UFUS FB 73	30,00	c	92,33	a	11,78	a	172,67	a	2464,59	b
UFUS FB 74	30,33	c	92,67	a	8,33	b	110,83	b	2371,18	b
UFUS FB 75	30,33	c	91,67	a	7,00	b	103,83	b	1230,77	c
UFUS FB 76	31,67	c	93,33	a	7,89	b	96,83	b	1061,54	c
UFUS FB 77	30,00	c	94,00	a	8,67	b	109,67	b	2677,82	b
UFUS FB 78	30,00	c	91,33	a	10,33	a	127,17	b	2005,96	c
UFUS FB 79	33,67	b	92,33	a	11,00	a	159,83	a	1389,74	c
UFUS FB 80	31,67	c	91,67	a	9,11	a	135,33	a	1888,08	c
UFUS FB 81	32,67	b	97,67	a	14,22	a	214,67	a	1297,44	c
UFUS FB 82	35,00	a	95,00	a	13,78	a	200,67	a	2828,29	b
UFUS FB 83	31,33	c	92,33	a	3,11	b	51,33	b	1205,13	c
UFUS FB 84	35,33	a	93,67	a	12,33	a	201,83	a	2054,84	c
UFUS FB 85	30,67	c	97,67	a	9,44	a	157,50	a	1671,80	c
UFUS FB 86	33,33	b	95,67	a	8,00	b	123,67	b	1958,97	c
UFUS FB 87	33,67	b	92,67	a	5,78	b	65,33	b	835,90	c
UFUS 6901	29,67	c	91,00	a	8,67	b	109,67	b	2314,18	b
BRSGO 7560	33,33	b	85,33	a	13,11	a	168,00	a	2851,22	b

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1C. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
NDF	UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
	UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
	UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
	UFUS FB 04	37,33	121,33	11,67	262,50	1892,77
	UFUS FB 06	38,00	120,33	14,45	420,00	3065,73
	UFUS FB 07	37,00	121,00	11,33	340,67	1102,56
	UFUS FB 11	37,00	121,00	10,56	285,83	312,82
	UFUS FB 18	38,00	113,00	14,67	434,00	1344,99
	UFUS FB 21	38,33	122,33	6,11	157,50	1061,54
	UFUS FB 22	38,00	113,00	14,44	408,33	2242,80
	UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
	UFUS FB 25	38,33	122,33	14,45	373,33	866,67
	UFUS FB 37	38,00	122,00	13,89	332,50	830,77
	UFUS FB 48	38,00	122,00	7,78	198,33	317,95
	UFUS FB 50	37,67	121,67	10,56	297,50	979,49
	UFUS FB 53	37,00	121,00	21,89	626,50	374,36
	UFUS FB 62	38,00	122,00	18,33	484,17	1338,46
	UFUS FB 67	37,67	121,67	11,00	313,83	1317,95
	UFUS FB 85	37,00	121,00	8,55	253,17	323,08
	UFUS 6901	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
NDM	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
	UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
	UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
	UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
	UFUS FB 06	38,00	120,33	14,45	420,00	3065,73
	UFUS FB 07	37,00	121,00	11,33	340,67	1102,56
	UFUS FB 09	40,00	112,67	18,89	501,67	1292,48
	UFUS FB 11	37,00	121,00	10,56	285,83	312,82
	UFUS FB 13	39,67	112,33	8,56	264,83	1743,59
	UFUS FB 17	40,00	112,67	10,00	268,33	996,30
	UFUS FB 18	38,00	113,00	14,67	434,00	1344,99
	UFUS FB 19	39,00	114,00	8,44	252,00	1646,15
	UFUS FB 20	39,00	114,00	9,44	250,83	1210,26
	UFUS FB 22	38,00	113,00	14,44	408,33	2242,80
	UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
	UFUS FB 30	44,00	121,00	13,89	379,17	2110,44
	UFUS FB 51	39,00	120,67	6,67	175,00	1128,20
	UFUS FB 53	37,00	121,00	21,89	626,50	374,36
	UFUS FB 85	37,00	121,00	8,55	253,17	323,08
	UFUS FB 86	42,67	121,00	10,55	320,83	3234,23
	UFUS FB 88	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25

...continua...

TABELA 1C. Cont. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
SEV	UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
	UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
	UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
	UFUS FB 13	39,67	112,33	8,56	264,83	1743,59
	UFUS FB 19	39,00	114,00	8,44	252,00	1646,15
	UFUS FB 21	38,33	122,33	6,11	157,50	1061,54
	UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
	UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
	UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
	UFUS FB 43	44,67	121,67	9,67	288,17	3442,57
	UFUS FB 51	39,00	120,67	6,67	175,00	1128,20
	UFUS FB 60	38,67	122,67	6,00	179,67	1784,62
	UFUS FB 61	38,33	122,33	4,66	130,67	1025,64
	UFUS FB 68	45,33	122,33	8,33	227,50	4734,58
	UFUS FB 69	40,33	122,00	7,22	192,50	523,08
	UFUS FB 73	38,33	122,33	9,11	247,33	533,33
	UFUS FB 80	44,33	121,33	8,00	247,33	2190,45
	UFUS FB 85	37,00	121,00	8,55	253,17	323,08
	UFUS FB 88	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
	UFUS FB 89	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45
	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
AACPD	UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
	UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
	UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
	UFUS FB 19	39,00	114,00	8,44	252,00	1646,15
	UFUS FB 20	39,00	114,00	9,44	250,83	1210,26
	UFUS FB 21	38,33	122,33	6,11	157,50	1061,54
	UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
	UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
	UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
	UFUS FB 48	38,00	122,00	7,78	198,33	317,95
	UFUS FB 51	39,00	120,67	6,67	175,00	1128,20
	UFUS FB 60	38,67	122,67	6,00	179,67	1784,62
	UFUS FB 61	38,33	122,33	4,66	130,67	1025,64
	UFUS FB 68	45,33	122,33	8,33	227,50	4734,58
	UFUS FB 69	40,33	122,00	7,22	192,50	523,08
	UFUS FB 76	38,67	122,67	11,33	282,33	415,39
	UFUS FB 80	44,33	121,33	8,00	247,33	2190,45
	UFUS FB 85	37,00	121,00	8,55	253,17	323,08
	UFUS FB 88	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
	UFUS FB 89	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45

...continua...



TABELA 1C. Cont. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
PROD	UFUS FB 05	40,00	121,67	10,78	311,50	3286,50
	UFUS FB 06	38,00	120,33	14,45	420,00	3065,73
	UFUS FB 10	42,00	122,00	11,89	334,83	3181,91
	UFUS FB 12	42,33	121,67	10,22	282,33	4587,76
	UFUS FB 14	41,00	122,67	12,22	326,67	3263,18
	UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
	UFUS FB 35	44,33	121,33	11,33	270,67	3379,97
	UFUS FB 40	45,33	122,33	11,66	297,50	3575,68
	UFUS FB 42	45,33	122,33	17,45	474,83	4576,35
	UFUS FB 43	44,67	121,67	9,67	288,17	3442,57
	UFUS FB 46	43,00	121,33	12,22	303,33	3334,75
	UFUS FB 49	40,67	121,33	15,00	367,50	3150,30
	UFUS FB 68	45,33	122,33	8,33	227,50	4734,58
	UFUS FB 71	44,67	122,33	10,78	323,17	3370,22
	UFUS FB 77	42,00	122,00	12,45	352,33	3079,61
	UFUS FB 78	42,67	122,00	10,78	299,83	3028,29
	UFUS FB 84	44,67	122,33	12,78	344,17	3935,46
	UFUS FB 86	42,67	121,00	10,55	320,83	3234,23
	UFUS FB 87	41,00	121,67	13,55	410,67	3260,85
	UFUS FB 89	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1D. Progenies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
NDF	UFUS FB 09	31,00	92,33	14,66	217,00	2304,33
	UFUS FB 16	30,00	95,00	8,33	110,83	1683,40
	UFUS FB 17	31,00	93,00	5,89	92,17	1602,22
	UFUS FB 18	31,33	94,67	9,22	127,17	820,51
	UFUS FB 19	31,00	91,00	4,67	65,33	1910,35
	UFUS FB 21	31,00	93,00	11,45	150,50	1547,61
	UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
	UFUS FB 45	31,00	92,67	5,67	96,83	2379,51
	UFUS FB 48	31,00	92,33	12,22	175,00	1005,13
	UFUS FB 50	31,00	91,00	11,45	162,17	1832,57
	UFUS FB 61	31,00	91,00	4,33	66,50	1737,79
	UFUS FB 68	31,00	97,00	8,56	117,83	2432,38
	UFUS FB 72	30,00	94,67	10,11	155,17	2027,66
	UFUS FB 73	30,00	92,33	11,78	172,67	2464,59
	UFUS FB 74	30,33	92,67	8,33	110,83	2371,18
	UFUS FB 75	30,33	91,67	7,00	103,83	1230,77
	UFUS FB 77	30,00	94,00	8,67	109,67	2677,82
	UFUS FB 78	30,00	91,33	10,33	127,17	2005,96
	UFUS FB 85	30,67	97,67	9,44	157,50	1671,80
	UFUS FB 88	29,67	91,00	8,67	109,67	2314,18
NDM	UFUS FB 09	31,00	92,33	14,66	217,00	2304,33
	UFUS FB 19	31,00	91,00	4,67	65,33	1910,35
	UFUS FB 27	31,33	92,00	13,89	192,50	2482,93
	UFUS FB 47	34,00	92,33	7,45	94,50	1394,87
	UFUS FB 48	31,00	92,33	12,22	175,00	1005,13
	UFUS FB 50	31,00	91,00	11,45	162,17	1832,57
	UFUS FB 53	31,67	91,00	8,33	122,50	1476,93
	UFUS FB 56	33,67	90,00	11,22	155,17	2099,67
	UFUS FB 57	31,67	88,33	6,44	98,00	3211,21
	UFUS FB 58	31,33	92,00	9,00	155,17	2636,93
	UFUS FB 61	31,00	91,00	4,33	66,50	1737,79
	UFUS FB 62	31,33	89,67	4,78	80,50	2413,79
	UFUS FB 63	32,67	88,67	9,22	115,50	2217,62
	UFUS FB 66	34,00	87,67	11,44	162,17	1528,20
	UFUS FB 70	32,33	91,67	10,22	158,67	866,67
	UFUS FB 75	30,33	91,67	7,00	103,83	1230,77
	UFUS FB 78	30,00	91,33	10,33	127,17	2005,96
	UFUS FB 80	31,67	91,67	9,11	135,33	1888,08
	UFUS FB 88	29,67	91,00	8,67	109,67	2314,18
	UFUS FB 89	33,33	85,33	13,11	168,00	2851,22

...continua...

TABELA 1D. Cont. Progênies F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

	Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
SEV	UFUS FB 03	33,33	94,67	5,45	78,17	923,08
	UFUS FB 07	32,00	97,33	5,44	78,17	1219,06
	UFUS FB 19	31,00	91,00	4,67	65,33	1910,35
	UFUS FB 29	33,67	94,00	5,33	74,67	1409,15
	UFUS FB 30	35,00	95,67	2,89	56,00	2345,43
	UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
	UFUS FB 33	34,33	97,67	3,89	64,17	1914,72
	UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
	UFUS FB 35	35,00	97,67	4,67	77,00	2290,42
	UFUS FB 36	33,33	98,00	2,67	49,00	2267,98
	UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
	UFUS FB 39	33,33	97,00	3,00	47,83	2640,81
	UFUS FB 40	33,67	93,67	3,89	64,17	2135,13
	UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
	UFUS FB 44	36,00	99,00	2,44	42,00	3737,67
	UFUS FB 54	32,00	93,67	4,33	66,50	1740,82
	UFUS FB 61	31,00	91,00	4,33	66,50	1737,79
	UFUS FB 62	31,33	89,67	4,78	80,50	2413,79
	UFUS FB 83	31,33	92,33	3,11	51,33	1205,13
	UFUS FB 87	33,67	92,67	5,78	65,33	835,90
AACPD	UFUS FB 03	33,33	94,67	5,45	78,17	923,08
	UFUS FB 07	32,00	97,33	5,44	78,17	1219,06
	UFUS FB 19	31,00	91,00	4,67	65,33	1910,35
	UFUS FB 29	33,67	94,00	5,33	74,67	1409,15
	UFUS FB 30	35,00	95,67	2,89	56,00	2345,43
	UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
	UFUS FB 33	34,33	97,67	3,89	64,17	1914,72
	UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
	UFUS FB 35	35,00	97,67	4,67	77,00	2290,42
	UFUS FB 36	33,33	98,00	2,67	49,00	2267,98
	UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
	UFUS FB 39	33,33	97,00	3,00	47,83	2640,81
	UFUS FB 40	33,67	93,67	3,89	64,17	2135,13
	UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
	UFUS FB 44	36,00	99,00	2,44	42,00	3737,67
	UFUS FB 54	32,00	93,67	4,33	66,50	1740,82
	UFUS FB 61	31,00	91,00	4,33	66,50	1737,79
	UFUS FB 74	30,33	92,67	8,33	110,83	2371,18
	UFUS FB 83	31,33	92,33	3,11	51,33	1205,13
	UFUS FB 87	33,67	92,67	5,78	65,33	835,90

...continua...

TABELA 1D. Cont. Progênes F<sub>3</sub> superiores das populações de soja selecionadas pela seleção direta na combinação F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Genótipos	PROD				
	NDF	NDM	SEV	AACPD	PROD
UFUS FB 15	34,33	93,33	6,89	100,33	2593,57
UFUS FB 27	31,33	92,00	13,89	192,50	2482,93
UFUS FB 31	35,00	94,67	7,00	115,50	3388,05
UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
UFUS FB 38	31,33	98,00	6,44	98,00	3491,99
UFUS FB 39	33,33	97,00	3,00	47,83	2640,81
UFUS FB 41	33,00	97,00	6,33	94,50	2946,90
UFUS FB 42	35,00	99,33	7,44	106,17	3473,45
UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
UFUS FB 44	36,00	99,00	2,44	42,00	3737,67
UFUS FB 57	31,67	88,33	6,44	98,00	3211,21
UFUS FB 58	31,33	92,00	9,00	155,17	2636,93
UFUS FB 68	31,00	97,00	8,56	117,83	2432,38
UFUS FB 73	30,00	92,33	11,78	172,67	2464,59
UFUS FB 77	30,00	94,00	8,67	109,67	2677,82
UFUS FB 82	35,00	95,00	13,78	200,67	2828,29
UFUS FB 88	29,67	91,00	8,67	109,67	2314,18
UFUS FB 89	33,33	85,33	13,11	168,00	2851,22

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1E. Progenies F<sub>3</sub> selecionadas das populações de soja selecionadas pelo índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock na combinação F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

Mulamba & Mock (1978)					
Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACP	PROD
UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
UFUS FB 04	37,33	121,33	11,67	262,50	1892,77
UFUS FB 12	42,33	121,67	10,22	282,33	4587,76
UFUS FB 13	39,67	112,33	8,56	264,83	1743,59
UFUS FB 19	39,00	114,00	8,44	252,00	1646,15
UFUS FB 20	39,00	114,00	9,44	250,83	1210,26
UFUS FB 21	38,33	122,33	6,11	157,50	1061,54
UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
UFUS FB 43	44,67	121,67	9,67	288,17	3442,57
UFUS FB 51	39,00	120,67	6,67	175,00	1128,20
UFUS FB 61	38,33	122,33	4,66	130,67	1025,64
UFUS FB 80	44,33	121,33	8,00	247,33	2190,45
UFUS FB 85	37,00	121,00	8,55	253,17	323,08
UFUS FB 86	42,67	121,00	10,55	320,83	3234,23
UFUS FB 88	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
UFUS FB 89	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1F. Progenies F<sub>3</sub> selecionadas das populações de soja selecionadas pelo índice da distância genótipo-ideótipo na combinação F<sub>3</sub>-A (UFUS 6901 x TMG 801).

Genótipos	Distância Genótipo-Ideótipo				
	NDF	NDM	SEV	AACP	PROD
UFUS FB 01	37,33	121,33	7,22	169,17	805,13
UFUS FB 02	37,33	121,33	7,22	180,83	871,79
UFUS FB 03	36,67	111,67	8,33	239,17	948,72
UFUS FB 05	40,00	121,67	10,78	311,50	3286,50
UFUS FB 12	42,33	121,67	10,22	282,33	4587,76
UFUS FB 13	39,67	112,33	8,56	264,83	1743,59
UFUS FB 17	40,00	112,67	10,00	268,33	996,30
UFUS FB 19	39,00	114,00	8,44	252,00	1646,15
UFUS FB 20	39,00	114,00	9,44	250,83	1210,26
UFUS FB 21	38,33	122,33	6,11	157,50	1061,54
UFUS FB 22	38,00	113,00	14,44	408,33	2242,80
UFUS FB 23	38,00	113,00	5,78	165,67	666,67
UFUS FB 32	44,67	121,67	8,00	200,67	3937,28
UFUS FB 33	42,00	121,33	8,55	241,50	2983,02
UFUS FB 51	39,00	120,67	6,67	175,00	1128,20
UFUS FB 60	38,67	122,67	6,00	179,67	1784,62
UFUS FB 61	38,33	122,33	4,66	130,67	1025,64
UFUS FB 68	45,33	122,33	8,33	227,50	4734,58
UFUS FB 88	31,00	90,33	7,22	87,50	1896,25
UFUS FB 89	43,00	122,33	7,45	206,50	3279,45

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1G. Progênies F<sub>3</sub> selecionadas das populações de soja selecionadas pelo índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock na combinação F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Mulamba & Mock (1978)					
Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACP	PROD
UFUS FB 17	31,00	93,00	5,89	92,17	1602,22
UFUS FB 19	31,00	91,00	4,67	65,33	1910,35
UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
UFUS FB 39	33,33	97,00	3,00	47,83	2640,81
UFUS FB 40	33,67	93,67	3,89	64,17	2135,13
UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
UFUS FB 45	31,00	92,67	5,67	96,83	2379,51
UFUS FB 54	32,00	93,67	4,33	66,50	1740,82
UFUS FB 57	31,67	88,33	6,44	98,00	3211,21
UFUS FB 61	31,00	91,00	4,33	66,50	1737,79
UFUS FB 62	31,33	89,67	4,78	80,50	2413,79
UFUS FB 73	30,00	92,33	11,78	172,67	2464,59
UFUS FB 74	30,33	92,67	8,33	110,83	2371,18
UFUS FB 75	30,33	91,67	7,00	103,83	1230,77
UFUS FB 77	30,00	94,00	8,67	109,67	2677,82
UFUS FB 78	30,00	91,33	10,33	127,17	2005,96
UFUS FB 83	31,33	92,33	3,11	51,33	1205,13
UFUS FB 88	29,67	91,00	8,67	109,67	2314,18

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).

TABELA 1H. Progenies F<sub>3</sub> selecionadas das populações de soja selecionadas pelo índice da distância genótipo-ideótipo na combinação F<sub>3</sub>-B (UFUS 6901 x BRSGO 7560).

Distância Genótipo-Ideótipo					
Genótipos	NDF	NDM	SEV	AACP	PROD
UFUS FB 15	34,33	93,33	6,89	100,33	2593,57
UFUS FB 30	35,00	95,67	2,89	56,00	2345,43
UFUS FB 31	35,00	94,67	7,00	115,50	3388,05
UFUS FB 32	33,00	95,00	2,44	42,00	3030,69
UFUS FB 33	34,33	97,67	3,89	64,17	1914,72
UFUS FB 34	31,00	97,67	4,22	63,00	3190,66
UFUS FB 35	35,00	97,67	4,67	77,00	2290,42
UFUS FB 37	32,67	97,67	4,00	67,67	4000,72
UFUS FB 38	31,33	98,00	6,44	98,00	3491,99
UFUS FB 39	33,33	97,00	3,00	47,83	2640,81
UFUS FB 41	33,00	97,00	6,33	94,50	2946,90
UFUS FB 42	35,00	99,33	7,44	106,17	3473,45
UFUS FB 43	32,33	96,00	5,45	89,83	3085,11
UFUS FB 44	36,00	99,00	2,44	42,00	3737,67
UFUS FB 46	33,00	95,33	9,89	148,17	2220,20
UFUS FB 51	34,00	96,00	7,89	108,50	1693,97
UFUS FB 68	31,00	97,00	8,56	117,83	2432,38
UFUS FB 82	35,00	95,00	13,78	200,67	2828,29
UFUS FB 84	35,33	93,67	12,33	201,83	2054,84
UFUS FB 86	33,33	95,67	8,00	123,67	1958,97

APM: altura de planta na maturação; NDM: número de dias para maturidade; NNM: número de nós na maturidade; NVT: número de vagens totais; SEV: severidade da ferrugem asiática; PG: produção de grãos por planta (g).





FIGURA 1A. Área experimental referente à população segregante  $F_2$  e retrocruzamentos semeados em fevereiro de 2018.



FIGURA 1B. Área experimental referente à população segregante  $F_3$ , safra 2018/19.





FIGURA 1C. Área experimental referente à população segregante  $F_3$ , safra 2018/19.



FIGURA 1D. Área experimental referente à população segregante  $F_3$ , safra 2018/19.