



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA  
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO DESENVOLVIMENTO DE  
GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA À

*Sclerotinia sclerotiorum*

**Discente:** MSc. Lorraine Cristina Polloni Barros

**Orientador (a):** Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Co-orientador (a):** Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti

Uberlândia - MG

2021



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA



INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO DESENVOLVIMENTO DE GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA À *Sclerotinia sclerotiorum*

**Discente:** MSc. Lorraine Cristina Polloni Barros

**Orientador (a):** Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Co-orientador (a):** Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti

**Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia como parte dos requisitos para obtenção do Título de Doutor em Genética e Bioquímica (Área Genética).**

**Uberlândia - MG**

**2021**

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

---

B277p  
2021      Barros, Lorraine Cristina Polloni, 1991  
          Parâmetros genéticos e índices de seleção no desenvolvimento de  
          genótipos de soja visando caracteres agronômicos e resistência à  
          *Sclerotiniasclerotiorum* [recurso eletrônico] / Lorraine Cristina Polloni  
          Barros. - 2021.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.

Coorientador: Fernando Cezar Juliatti.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa  
de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2022.5333>

Inclui bibliografia.

Inclui ilustrações.

1. Genética. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Orient.). II.  
Juliatti, Fernando Cezar, 1957-, (Coorient.). III. Universidade Federal de  
Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica. IV.  
Título.

---

CDU: 575

Glória Aparecida  
Bibliotecária - CRB-6/2047



### ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Doutorado Acadêmico - Nº 03/2021 - PPGGB.				
Data:	Vinte e quatro de setembro de dois mil e vinte e um.	Hora de início:	09:30h	Hora de encerramento:	12:20
Matrícula do Discente:	11623GBI009				
Nome do Discente:	Lorraine Cristina Polloni Barros				
Título do Trabalho:	Parâmetros genéticos e índices de seleção no desenvolvimento de genótipos de soja visando caracteres agrônômicos e resistência à <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> .				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Epigenética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento e seleção de genótipos de soja precoces e resistência parcial ao mofo branco.				

Aos vinte e quatro dias do mês de setembro de dois mil e vinte e um, às 09:30 horas, reuniu-se via web conferência pela Plataforma *Microsoft Teams*, em conformidade com a Portaria nº 36, de 19 de março de 2020 da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e Resolução de nº 06/2020 do Conselho de Pesquisa e Pós-graduação pela Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica, assim composta: Profª. Drª. Aurilene Santos Oliveira, Profª. Drª. Polianna Alves Silva Dias, Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti, Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki e Profª. Drª. Ana Paula Oliveira Nogueira, orientador (a) do (a) candidato (a) e demais convidados presentes conforme lista de presença. Iniciando os trabalhos o (a) presidente da mesa, Profª. Drª. Ana Paula Oliveira Nogueira, apresentou a Comissão Examinadora e o (a) candidato (a), agradeceu a presença do público, e concedeu o (à) Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do (a) Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica. A seguir o (a) senhor (a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos examinadores, que passaram a arguir o (a) candidato (a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu os conceitos finais. Em face do resultado obtido, a Banca Examinadora considerou o candidato (a):

APROVADO (A).

Esta defesa de Tese de Doutorado é parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Doutor. O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do

Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU. Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 24/09/2021, às 12:37, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Professor(a) do Magistério Superior**, em 24/09/2021, às 12:39, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Tosiuyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 24/09/2021, às 12:42, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Polianna Alves Silva Dias, Usuário Externo**, em 24/09/2021, às 12:43, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Aurilene Santos Oliveira, Usuário Externo**, em 24/09/2021, às 12:43, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://www.sei.ufu.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **3023356** eo código CRC **CC9E5FCB**.



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA  
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO DESENVOLVIMENTO DE  
GENÓTIPOS DE SOJA VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA À

*Sclerotinia sclerotiorum*

**Discente:** MSc.Lorraine Cristina Polloni Barros

### **COMISSÃO EXAMINADORA**

**Presidente:** Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Examinadores:**

Membro Externo: Dra. Aurilene Santos Oliveira (Pesquisadora Assossida II – Bayer– Crop Science / e-mail: [aurilenesantos.oliveira@bayer.com](mailto:aurilenesantos.oliveira@bayer.com))

Membro Externo: Profa. Dra. Polianna Alves Silva Dias (Docente do Instituto Federal Goiano / e-mail: [poliannadias@gmail.com](mailto:poliannadias@gmail.com))

Membro Interno: Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti (ICIAG - UFU / e-mail: [juliatti@ufu.br](mailto:juliatti@ufu.br))

Membro Interno: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki (ICIAG - UFU / e-mail: [hamawaki@ufu.br](mailto:hamawaki@ufu.br))

**Data da Defesa:** 24/09/2021

As sugestões da Comissão Examinadora e as Normas do PGGB para o formato da Dissertação/Tese foram contempladas

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

*“Os ventos que às vezes tiram algo que amamos são os mesmos que trazem algo que aprendemos a amar... Por isso, não devemos chorar pelo que nos foi tirado e, sim, aprender a amar o que nos foi dado. Pois tudo aquilo que é realmente nosso nunca se vai para sempre...”*

Bob Marley

## **Agradecimentos**

À Deus e Nossa Senhora Aparecida pela força para superar todos os obstáculos e por me abençoarem sempre.

Aos meus pais, Luiz Sérgio e Aparecida, pela vida, pela educação, pelo amor e pelo grande apoio.

Ao meu marido, Heber, pela dedicação, incentivo, carinho e apoio.

Aos meus irmãos Lorena e Luiz Paulo, pelo companheirismo, amizade e apoio.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, ao Instituto de Biotecnologia e a Universidade Federal de Uberlândia, pela realização do doutorado.

À CAPES, FAPEMIG e CNPq, pelo suporte financeiro.

À Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, ao Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti e ao Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki pela orientação, confiança e pelos ensinamentos.

Ao Programa de Melhoramento Genético de Soja (PMG de Soja) e ao Laboratório de Micologia e Proteção de Plantas (LAMIP), do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Uberlândia, pelo espaço cedido para a realização da pesquisa.

Aos funcionários da Fazenda Experimental da Universidade Federal de Uberlândia, pela grande ajuda, ensinamentos e paciência.

Aos membros da banca examinadora de qualificação e Defesa que enriqueceram meu trabalho com seus conhecimentos.

A todos os professores e funcionários da faculdade que contribuíram para minha formação e à todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para execução deste trabalho.



## Sumário

Apresentação .....	1
Presentation .....	3
Capítulo I - Fundamentação Teórica .....	5
1. Introdução.....	5
2. A cultura da soja.....	6
2.1. O mofo branco em soja .....	8
2.2. Identificação de linhagens de soja resistentes ao mofo branco .....	10
2.3. Melhoramento genético em soja .....	12
2.4. Parâmetros genéticos .....	13
2.5. Correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres.....	14
2.6. Estratégias de seleção e Índices de seleção em soja .....	15
Referências bibliográficas .....	17
Capítulo II – Soybean genotypes selection with resistance to White Mold and agronomic performance from moderately resistant parents .....	24
Abstract .....	25
1. Introduction .....	26
2. Materials and Methods.....	27
2.1. Plant materials.....	27
2.2. F <sub>1</sub> and segregating generations.....	27
2.3. Genetic and phenotypic parameters.....	28
2.4. Genetic parameters.....	30
2.5. Resistance of transgressive segregation.....	30
3. Results and Discussion.....	32
3.1. Disease severity evaluations.....	32
3.2. Cycle and production from the moderately resistant genotypes .....	36
3.3. Agronomic trait statistics in the segregating population.....	37
References .....	45
Capítulo III – Parâmetros genéticos e estratégias de seleção aplicadas em caracteres agrônômicos e resistência a <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> em linhagens de soja.....	50
Resumo .....	51
1. Introdução.....	54

2. Material e métodos .....	55
2.1. Local de condução experimental.....	55
2.2. Material genético e delineamento experimental .....	55
2.3. Preparo da área experimental, semeadura e tratos culturais.....	57
2.4. Caracteres agronômicos avaliados .....	59
2.5. Análises estatísticas.....	60
2.6. Identificação de genótipos resistentes à <i>S. sclerotiorum</i> na safra 2019/2020 .....	65
3. Resultados e discussão .....	66
3.1. Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos soja safra 2018/2019 .....	66
3.2. Seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos soja safra 2018/2019 .....	72
3.3. Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos soja safra 2019/2020 .....	76
3.4. Seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos soja safra 2019/2020 .....	80
3.5. Análise conjunta dos parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos de soja safra 2018/2019 e 2019/2020. ....	83
3.6. Análise conjunta da seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos de soja safra 2018/2019 e 2019/2020. ....	86
3.7. Identificação de genótipos resistentes à <i>S. sclerotiorum</i> na safra 2019/2020. ....	89
4. Conclusão.....	93
Referências bibliográficas .....	94

## **Apresentação**

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a cultura agrícola brasileira com maior crescimento nos últimos anos, e está entre as espécies vegetais mais importantes e rentáveis no mundo. O Brasil é o maior produtor de soja do mundo, seguido por Estados Unidos e Argentina. A ascensão brasileira no cultivo de soja está intrinsicamente ligada ao sucesso nos estudos relacionados à área de melhoramento genético de soja.

O objetivo dos programas de melhoramento, de um modo geral, é o desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas, com resistência às doenças de maior dano econômico, mais estáveis e melhor adaptadas às diferentes condições de cultivo. A este respeito, Estimativas dos parâmetros genéticos, tais como os componentes de variância, herdabilidade e ganho de seleção, juntamente com os índices de seleção, auxiliam em um processo de seleção mais eficiente em obter genótipos promissores durante o desenvolvimento de novos genótipos.

Os problemas fitossanitários são os principais fatores que limitam a obtenção de altos níveis de produção de grãos de soja. O fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, causador da podridão branca da haste da soja, também conhecida como mofo branco, é uma das mais antigas doenças da soja. É importante salientar que, no momento, a principal forma de controle do mofo branco é a prevenção e que não há disponibilidade de cultivares de soja totalmente resistentes a ele. Porém, vários estudos demonstraram que há diferenças de suscetibilidade entre as cultivares de soja frente a infecção por este patógeno.

A resistência genética é uma das principais alternativas no controle de doenças de plantas, pois além de ser mais viável economicamente, se comparado ao uso de fungicidas, é de fácil utilização, menos agressiva ao meio ambiente, ao agricultor e ao consumidor. Portanto, para desenvolver, de maneira eficaz, linhagens de soja resistentes ao mofo branco e com características agrônômicas superiores, é necessário ter cautela na seleção dos parentais. Além de resistência às doenças, no melhoramento da soja também são almejados um conjunto de caracteres relacionados aos caracteres morfoagronômicos que conferem às linhagens elevada produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade.

A presente tese está dividida em três capítulos, sendo o capítulo I uma revisão bibliográfica sobre a cultura da soja, a doença mofo branco, a identificação de genótipos resistentes à doença e o melhoramento genético da soja; no capítulo II, o objetivo foi desenvolver linhagens de soja com resistência ao mofo branco, mantendo outros caracteres agronômicos desejáveis; e no capítulo III, o objetivo foi estimar parâmetros genéticos e analisar estratégias de seleção no desenvolvimento de genótipos de soja, nas progênies F<sub>3</sub> e F<sub>4</sub>, para identificar os genótipos que apresentam caracteres agronômicos superiores, tais como em produção e ciclo precoce e, especificamente na F<sub>4</sub>, identificar os genótipos com resistência ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum*.

## Presentation

The soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] is the most important crop cultivated in Brazil, and is one of the most relevant commodities of the international agricultural trade. Currently, Brazil is the world's top producer followed by the United States and Argentina. The Brazilian rise in soybean cultivation is intrinsically linked to the success in studies related to the area of soybean genetic improvement.

The main objective of any breeding program is to identify, among the segregating populations, the few genotypes with the best genetic combinations, including grain quality, grain yield, adaptation and disease resistance. In this regard, an efficient estimation of genetic parameters such as variance components, heritability and selection gain can result in a more efficient selection process to obtain promising genotypes from segregating populations.

One of the main factors that can limit the worldwide soybean production is the occurrence of diseases. Soybean white mold (WM), caused by *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, is considered the one of most destructive disease affecting soybean crops. Currently, there are no cultivars genetically resistant to *S. sclerotiorum* available. However, several studies have demonstrated that individual cultivars can differ in susceptibility, thus representing a key element for breeding programs.

Genetic resistance is one of the main alternatives in the control of plant diseases, because in addition to being more economically viable, compared to the use of fungicides, it is easy to use, less aggressive to the environment, to the farmer and to the consumer. Therefore, to effectively develop soybean genotypes resistant to white mold and with superior agronomic traits, it is necessary to be cautious in the selection of parents. In addition, soybean breeding also targets a set of characters related to morpho agronomic traits that give the genotypes high grain yield, adaptability and stability.

This thesis is divided into three chapters. Chapter I presents the literature review, which discusses the current situation in soybean breeding, genetics resistance to WM and production. In chapter II, the aim of the study was to develop soybean genotypes with resistance to white mold, while maintaining other desirable

agronomic traits. And in chapter III, the objective was to estimate genetic parameters and analyze selection strategies in the development of soybean genotypes, in the F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> progenies, to identify the genotypes that present superior agronomic characters, such as in production and early cycle, and specifically in F<sub>4</sub>, to identify genotypes with resistance to the fungus *Sclerotinia sclerotiorum*.

## Capítulo I - Fundamentação Teórica

### 1. Introdução

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas alimentares mais importantes do mundo, sendo atualmente uma das principais geradoras de riqueza da agricultura brasileira. De acordo com o décimo levantamento realizado pela Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB (2021), a área plantada da safra brasileira de soja no período 2020/21 cresceu cerca de 4,2%, em comparação à safra anterior. Com uma área plantada de aproximadamente 38,5 milhões de hectares, é esperada uma produção recorde de 135,9 milhões de toneladas, o que representa incremento de 8,9% em relação à safra passada (CONAB, 2021). Todo esse progresso contribuiu para que o Brasil se tornasse o maior produtor de soja do mundo, seguido pelos Estados Unidos e Argentina (USDA, 2021).

A ascensão brasileira no cultivo de soja está intrinsecamente ligada ao sucesso nos estudos relacionados à área de melhoramento genético de soja. O propósito em qualquer programa de melhoramento é o desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas, com resistência às doenças, mais estáveis e melhor adaptadas às diferentes condições de cultivo (Ribeiro et al., 2009; Hamawaki et al., 2012; Todeschini, 2018). Diferentes abordagens têm sido usadas na tentativa de obter linhagens com características agrônômicas superiores (Hamawaki et al., 2012). A este respeito, estimativas dos parâmetros genéticos, tais como os componentes de variância, herdabilidade e ganho de seleção, juntamente com os índices de seleção, auxiliam em um processo de seleção mais eficiente em obter genótipos promissores de populações segregantes (Hamawaki et al., 2012; Farias Neto et al., 2013; Silva et al., 2014).

O avanço no complexo sojicultor brasileiro foi acompanhado do aparecimento de vários problemas de ordem fitossanitária que podem limitar a produção de soja (Martins et al., 2018). A doença do mofo branco, causada pelo fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é uma das principais responsáveis por limitar a produção da soja. Esta doença pode causar reduções de rendimento superiores a 60% para os produtores quando as condições ambientais

são favoráveis (Cunha et al., 2010; McCaghey et al., 2017). Este fungo está presente em todas as regiões brasileiras com clima ameno (Barros et al., 2015). Contudo, até a presente data, não existem cultivares geneticamente resistentes a *S. sclerotiorum* disponíveis no mercado (Kandel et al., 2018).

Diversos estudos demonstraram que existem cultivares de soja comerciais com características que podem diferir significativamente em suscetibilidade, o que representa uma etapa fundamental para programas de melhoramento (Juliatti et al., 2014; Kandel et al., 2018; Martins et al., 2018). Portanto, para desenvolver linhagens de soja resistentes ao mofo branco e com características agrônômicas superiores, é necessário escolher cuidadosamente os genitores, uma vez que é interessante que a seleção seja baseada não somente em caracteres individuais, mas em vários, levando a um produto final superior em relação às características selecionadas.

## **2. A cultura da soja**

A soja é uma leguminosa anual de origem oriental, pertencente à classe das dicotiledôneas, da família Fabaceae (Sedyama; Oliveira; Sedyama, 2016). É uma cultura autógama, com germinação epígea, herbácea, com ciclo de vida (da emergência à maturação) variando de 70 (mais precoces) a 200 dias (mais tardias) (Sedyama et al., 2015). A altura desta planta pode variar de 30 a 200 cm, o que pode influenciar em diversos fatores, como a quantidade de ramificações, entre outros (Müller, 1981; Nogueira et al., 2013). No entanto, a altura das cultivares comerciais brasileiras variam entre 50 e 90 cm (Bezerra et al., 2015).

O caule da cultura é caracterizado como herbáceo, ereto, pubescente e ramificado, e o seu desenvolvimento é iniciado a partir do eixo embrionário, logo após a germinação (Müller, 1981). O sistema radicular da soja é constituído por uma raiz axial principal e grande número de raízes secundárias, sendo caracterizado como um sistema difuso (Sedyama et al., 1985). Nas raízes desta planta há também a presença de nódulos em função da simbiose da soja com as bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkani*, nos quais ocorre a fixação biológica de nitrogênio (Sedyama et al., 2016).



A planta de soja apresenta três diferentes tipos de crescimento: determinado, semideterminado e indeterminado. A maioria das pesquisas realizadas no Brasil acerca da plasticidade fenotípica da soja, utilizaram cultivares com tipo de crescimento determinado, cujas as plantas possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, e no florescimento apresentam aproximadamente 90% de sua altura e matéria seca final (Rambo et al., 2004; Nogueira et al., 2009; Sedyama et al., 2016). Contudo, nos últimos anos, a maioria das cultivares de soja lançadas no mercado apresentam tipo de crescimento indeterminado que são caracterizadas pela ausência da inflorescência terminal, mantendo a gema apical vegetativa, o que possibilita o alongamento no caule após o florescimento, já que a gema terminal se mantém ativa mesmo após o florescimento (Nogueira et al., 2009; Procópio et al., 2013; Werner et al., 2016; Sedyama et al., 2016). O tipo de crescimento semideterminado exibe inflorescência racemosa terminal e axilar, contudo, ao florescer, já apresentam 70% da sua altura final e podem continuar crescendo após este período (Nogueira et al., 2009; Sedyama et al., 2016).

Durante o desenvolvimento das plantas de soja, são observados três tipos de folhas: cotilédones, unifolioladas e trifolioladas. As cotilédones que são as iniciais, aparecem pós a emergência da plântula de soja. As unifolioladas são as que aparecem também no início do desenvolvimento e que se desenvolvem no nó seguinte aos cotilédones, de forma oposta. As trifolioladas aparecem logo após as unifolioladas e permanecem até a senescência. São as folhas trifolioladas que ditam o estágio de desenvolvimento vegetativo em que a planta se encontra (Matsuo et al., 2015; Sedyama et al., 2016).

As flores da soja são completas e ocorrem em racemos terminais ou axilares. A sua coloração pode ser branca ou variados tons de roxo, pois sua tonalidade varia de acordo com a constituição genética da planta (Vernetti; Junior, 2009). A abertura floral ocorre geralmente pela manhã e pode ser influenciada pela temperatura e umidade (Sedyama et al., 2005). O florescimento da soja é influenciado pelo fotoperíodismo, sendo classificada como uma espécie de dias curtos, isto é, necessita que a duração dos dias seja menor do que das noites (Barros e Sedyama, 2009). Há também nas cultivares de soja um efeito pleiotrópico

do gene que condiciona a cor de flor em relação a cor do hipocótilo, da qual as cultivares com flores brancas apresentam hipocótilo da cor verde, e para as que possuem flores roxas o hipocótilo apresenta cor roxa (Sedyama, 2009).

Os frutos do tipo legume são comumente chamados de vagens, e possuem coloração que varia entre cinza, amarelo-palha ou preta. A vagem pode apresentar formato arredondado, achatado, reto ou curvado, com o número de sementes de 1 a 5. A pubescência de coloração cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média e marrom escura (Müller, 1981; Sedyama et al., 2016).

A metodologia mais utilizada para definir e classificar os estádios fenológicos da soja foi proposta por Fehr e Caviness (1977). Esta metodologia considera duas principais fases durante todo o ciclo da cultura: a fase vegetativa, que abrange desde a germinação e emergência até o início do florescimento, e a fase reprodutiva que se inicia com o florescimento e se estende até a maturação plena.

## **2.1. O mofo branco em soja**

O fungo *Sclerotinia sclerotiorum* é um fungo cosmopolita, necrotrófico e que pode causar danos em mais de 400 espécies de plantas (Boland e Hall, 1994). Na cultura da soja é o agente causal da doença mofo branco, também conhecida como podridão branca da haste em soja. Em condições favoráveis, como umidade elevada e temperaturas amenas, podem ocorrer perdas na produção superiores a 60% (Cunha et al., 2010; McCaghey et al., 2017).

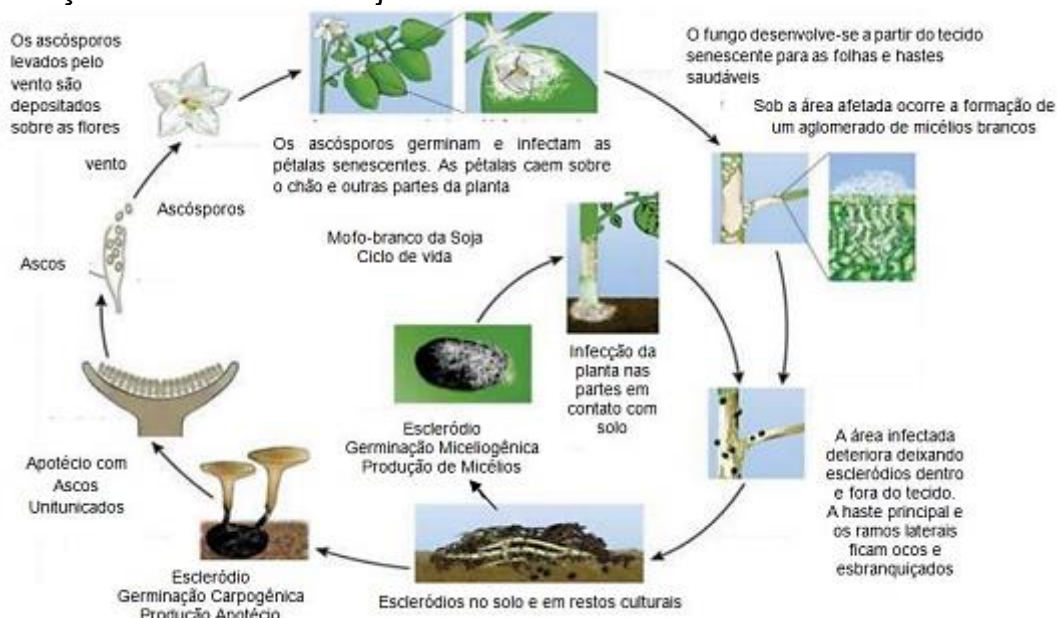
O manejo integrado de *S. sclerotiorum* utiliza uma combinação de três métodos: i) controle cultural, incluindo rotação de culturas com espécies não hospedeiras, manejo de irrigação e modificação das taxas de semeadura e espaçamento entre linhas; ii) controle biológico, incluindo os agentes de biocontrole *Coniothyrium minitans* (Peltier et al., 2012) e *Trichoderma sp.* (Haddad et al., 2017); e iii) controle químico por meio do uso de fungicidas, como picoxistrobina e boscalide. Contudo, apesar da existência de várias ferramentas, nenhuma dessas estratégias fornece um completo controle da doença (McCaghey et al., 2017; Arfaoui et al., 2018).

Este fitopatógeno produz estruturas de resistência denominadas de escleródios, que podem permanecer viáveis no solo por um longo período (de seis a oito anos), garantindo a sua sobrevivência (Paula Júnior et al., 2010). Os escleródios são massas de hifas de consistência firme que, devido ao acúmulo e melanina na parte externa da estrutura, apresenta coloração escura (Bolton et al., 2006). A germinação dos escleródios pode ser miceliogênica, produzindo hifas que atacam diretamente o tecido do hospedeiro, ou carpogênicas, originando apotécios nos quais são formados ascósporos, que são disseminados pelo vento (Paula Júnior et al., 2010). Cada escleródio pode originar até 20 apotécios, que podem liberar mais de dois milhões de ascósporos num período de até 10 dias (Steadman, 1973). Outra forma de disseminação deste fungo se dá por meio de sementes infectadas com micélio dormente, ou pela presença de escleródios misturados as sementes (Goulart, 2005).

As maiores epidemias de mofo branco geralmente se iniciam durante o florescimento das plantas de soja, pois os ascósporos necessitam de uma fonte de energia, como as flores senescentes, para sua germinação e infecção de plantas saudáveis (Bolton et al., 2006). A penetração do patógeno ocorre por pressão mecânica via apressório, e/ou secreção de enzimas e ácido oxálico (Willets e Wong, 1980). Após a planta saudável de soja ser infectada através das flores, os sintomas evoluem para as axilas das folhas, ramos e vagens, podendo afetar por completo a planta (Almeida et al., 2005).

Os sintomas da doença do mofo branco são caracterizados por lesões aquosas que evoluem para podridão mole dos tecidos, de coloração castanho-claro, com crescimento de micélio branco cotonoso. Este micélio se transformará posteriormente em escleródios, sendo estes de tamanhos e formas variados, culminando com a murcha, seca e morte da planta. Os escleródios produzidos nas plantas infectadas podem retornar ao solo, elevando o potencial de infecção para as próximas safras, ou podem ser transportados aderidos em maquinários ou sementes, podendo contaminar novas áreas de cultivo (Almeida et al., 2005; Jaccoud Filho et al., 2010; Peltier et al., 2012).

**Figura 2.** Esquema do ciclo de vida do fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, agente causal da doença mofo branco em soja.



Fonte: Tese de Welcimar Gonçalves da Cunha (2010) Adaptado de Wharton e Kirk (2007).

Um fator limitante na sojicultura é o controle desta doença, uma vez que não existem cultivares resistentes. Pouco se sabe no Brasil sobre a resistência parcial das variedades de soja ao mofo branco, o que limita o desenvolvimento de germoplasma com esse tipo de resistência (Andrade et al., 2018). Uma das formas de melhor aceitação pelo agricultor e mais viáveis economicamente para o controle desta doença, ocorre através do melhoramento genético de plantas por meio da resistência genética (EMBRAPA, 2013; Kandel et al., 2018).

## 2.2. Identificação de linhagens de soja resistentes ao mofo branco

Vários estudos vêm sendo desenvolvidos para analisar a susceptibilidade de genótipos de soja a *S. sclerotiorum* em campo, laboratório e casa de vegetação. Para que essa seleção seja eficiente é necessário utilizar métodos de inoculação

confiáveis, além disso é importante determinar o estágio fenológico mais adequado para inoculação (Garcia et al., 2015).

Diversos métodos de inoculação em condições ambientais controladas têm sido avaliados. Nesse sentido, um dos métodos mais comuns disponíveis são as técnicas de inoculação (Hüller et al., 2016). As técnicas de inoculação utilizam um disco de PDA contendo um micélio fúngico em diferentes tecidos vegetais como folha destacada (Wegulo et al., 1998), caule cortado (*cut stem*) (Terán et al., 2006) e o caule não ferido (Garcia e Juliatti, 2012).

O método proposto por Terán e colaboradores (2006), *cut stem*, é um dos métodos mais simples e considerado um dos mais eficazes para a inoculação do fungo *S. sclerotiorum*. É muito utilizado nas pesquisas de identificação, caracterização e seleção de genótipos de soja resistentes ao mofo branco. A inoculação do fungo nas plantas ocorre com o auxílio de ponteiras plásticas contendo o micélio do fungo, cultivado em meio de cultura Batata-dextrose-àgar, entrando em contato com o ápice, recém cortado, da haste principal da planta (Terán et al., 2006).

Segundo Téran e Singh (2009), o estágio da planta durante a inoculação, o tipo de inóculo e o tempo de inoculação são características que influenciam qualquer método de constatação de resistência fisiológica, portanto é importante avaliar a fisiologia da planta a ser inoculada para que a inoculação possa ocorrer de forma correta e eficaz. Diversos estudos descrevem o estágio R1 como o mais adequado para inoculações em ambientes controlados, pois reproduz as condições naturais de infecção (Peltier et al., 2009; Huzar-Novakowski and Dorrance, 2018). No entanto, outros autores afirmam que o estágio V3 é mais conveniente, pois fornece resultados mais rápidos, podendo acelerar as etapas do programa de melhoramento (Castro et al., 2016; Willbur et al., 2017). Outro ponto importante, abordado por Silva (2013), é que a grande maioria dos testes de avaliação depende do micélio do fungo, que são influenciadas pela variabilidade dos isolados e pela sensibilidade do patógeno à elevação de temperatura.

### **2.3. Melhoramento genético em soja**

As pesquisas desenvolvidas no melhoramento genético em soja é muito relevante para a sojicultura, pois possibilita a obtenção de cultivares superiores de forma sustentável e ecologicamente equilibrada. Entre os principais objetivos das instituições de pesquisa em melhoramento de soja, está o desenvolvimento de linhagens que apresentem ciclo mais precoce com elevada produtividade de grãos, resistência às doenças, mais estáveis e melhor adaptadas às diferentes condições de cultivo (Ribeiro et al., 2009; Hamawaki et al., 2012; Todeschini, 2018).

Para se obter novas cultivares de soja, várias etapas são realizadas no melhoramento genético de plantas, tais como: i) a seleção de genitores para a hibridação artificial com o intuito de recombinar genes de diferentes materiais; ii) obtenção da população segregante; iii) escolha do método de condução da população segregante mais adequado, para obter resultados esperados; iv) testes de desempenho agrônomo; v) seleção e avaliação das linhagens experimentais com os características agrônômicas desejáveis; vi) lançamento de uma nova cultivar, que é testada e indicada para regiões específicas (Borém e Miranda, 2009; Ceccarelli, 2014).

Uma condição essencial para o progresso nos estudos em melhoramento genético de plantas é a existência de variabilidade genética, pois permite conhecer o potencial da população segregante para a seleção. Porém, um dos grandes desafios para os melhoristas é que as características agrônômicas são geralmente regidas por herança quantitativa, necessitando de estratégias de desenvolvimento capazes de lidar com a herdabilidade complexa dos caracteres quantitativos (Ramalho et al., 2012; Akram et al., 2016; Zeffa et al., 2019).

Diferentes abordagens têm sido utilizadas na tentativa de obter linhagens com características agrônômicas superiores, bem como melhorar a resistência a doenças (Hamawaki et al., 2012). Nesse sentido, estimativas de parâmetros genéticos, correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres e os ganhos de seleção, podem auxiliar em um processo de seleção mais eficiente, a fim de obter genótipos promissores a partir de populações segregantes (Hamawaki et al., 2012; Farias Neto et al., 2013; Silva et al., 2014).

## 2.4. Parâmetros genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos são uma importante ferramenta no progresso genético, obtido ao longo do processo de melhoramento. A interpretação destes parâmetros auxilia no processo da tomada de decisão, na predição de sucesso e viabilidade das estratégias de seleção (Hamawaki et al., 2012). Os parâmetros genéticos podem ser estimados em diferentes etapas do melhoramento, desde as gerações iniciais em populações segregantes até as mais avançadas na seleção de linhagens (Vasconcelos et al., 2010).

No melhoramento de plantas, os parâmetros mais utilizados e que fornecem subsídios para a seleção de genótipos superiores são: a variância, a herdabilidade e o ganho genético. A avaliação das variâncias dos caracteres em uma população é feita de forma fracionada em componentes da variância. São considerados componentes da variância: a variância fenotípica (VF), a variância genotípica (VG) e a variância ambiental (VE). Vale ressaltar que o foco está na VG, isto é, o que é herdável. A VF resulta na interação entre os efeitos genéticos e ambientais, possibilitando a predição dos ganhos de seleção e a definição das estratégias de melhoramentos a serem adotadas (Borém e Miranda, 2017).

A estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ) é um parâmetro genético importante que deve ser considerado pelos melhoristas. O valor da  $h^2$  é usado para prever o progresso da seleção de um caráter agrônômico (Falconer, 1987; Sulisty e Mejaya, 2018). Este parâmetro está intrinsecamente relacionado aos ganhos de seleção, ou seja, quanto maior a  $h^2$  de um caráter agrônômico, maior a chance de êxito na seleção. Em populações segregantes, pode ser estimada a herdabilidade no sentido amplo, em que é considerada a razão entre as variâncias genéticas e fenotípicas, ou no sentido restrito, em que é considerada a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (Hamawaki et al., 2012). Os valores de  $h^2$  variam de zero a um (ou 0 a 100%). A  $h^2$  apresentará valor igual a um, quando toda a variação expressa for de natureza genética, e igual a zero, quando a variação entre indivíduos for unicamente de natureza ambiental. Os caracteres agrônômicos que apresentam baixos valores de herdabilidade são menos sujeitas a modificações

pela seleção do que outras com valores médios ou altos (Allard, 1974; Silveira et al., 2006; Sulisty e Mejaya, 2018).

O ganho de seleção (GS) é um guia eficiente para os melhoristas para definir melhores estratégias de seleção, isto é, seleção direta, resposta correlacionada e/ou índices de seleção. Para obter o ganho de seleção, se faz necessário a existência de variabilidade genética dentro de uma população-base e a magnitude dos efeitos que ela mascara (Silveira et al., 2006; Hamawaki et al., 2012).

## **2.5. Correlações fenotípicas e genóticas entre os caracteres**

O melhoramento genético tem como meta aperfeiçoar um conjunto de caracteres agrônômicos. Contudo, grande parte desses caracteres apresentam herança quantitativa, ou seja, são governados por muitos genes (Nogueira et al., 2012). A seleção de genótipos com base em vários caracteres simultâneos tem se tornado um desafio devido à existência de correlações entre eles, que podem ocorrer de forma favorável ou não aos objetivos do melhoramento (Sousa et al., 2015).

A análise de correlação é um parâmetro estatístico que dimensiona o grau de relação entre duas ou mais variáveis, auxiliando em suas compreensões (Ramalho et al., 2012). As relações existentes entre os caracteres são, em geral, avaliadas por meio das correlações fenotípicas, genóticas e ambientais (Rodrigues et al., 2010).

A correlação que pode ser diretamente mensurada é a correlação fenotípica, sendo esta resultante de causas genéticas e ambientais. Apenas a correlação genotípica, que corresponde à porção genética da correlação fenotípica, é empregada para orientar programas de melhoramento, por ser a única de natureza herdável (Rodrigues et al., 2010; Cruz et al., 2012). A principal causa da existência de correlações genéticas é a pleiotropia e a causa transitória é a ligação gênica. A pleiotropia é o fenômeno pelo qual um gene atua na expressão de duas ou mais características, de modo que, se ele estiver segregando, causa variação nos caracteres. A ligação gênica ocorre quando os genes que apresentam efeito nos



caracteres estão próximos e no mesmo cromossomo (Falconer e Mackay, 1996; Ramalho et al., 2018).

Os coeficientes de correlações estimadas são analisadas quanto à sua magnitude e direção. O valor obtido para esse coeficiente varia entre -1 e 1, considerando que o valor zero indica total ausência de relação linear e quanto mais próximo a 1 evidencia a existência de correlação forte. As correlações positivas indicam que os caracteres variam na mesma direção, em vista que as negativas refletem caracteres inversamente correlacionados (Falconer e Mackay, 1996; Filho e Junior, 2009; Cruz et al., 2012).

## **2.6. Estratégias de seleção e Índices de seleção em soja**

No melhoramento genético da cultura da soja, é usual mensurar várias características com a finalidade de se praticar a seleção simultânea para alguns deles. Portanto, o estudo de estratégias de seleção em soja é importante (Cruz et al., 2012; Teixeira et al., 2017).

A seleção direta foi a primeira a ser implementada, sendo também a mais simples delas. O processo de seleção direta dos genótipos é baseado somente em um caráter por vez, podendo gerar consequências indiretas em outros caracteres importantes. A seleção direta pode fornecer ganhos individuais superiores no caráter sob seleção (Vasconcelos et al., 2010; Cosme et al., 2018). Isso ocorre, caso exista correlação entre dois ou mais dos caracteres fenotípicos com herança quantitativa, podendo ser positivas ou negativas. Conhecer tais correlações permite a seleção indireta de caracteres com baixa herdabilidade, por meio da seleção direta daqueles que apresentam maior efeito genético (Sousa et al., 2015).

A seleção indireta é usada quando o caráter sofre grande influência ambiental, o que faz com que a precisão da seleção seja baixa (Hallauer et al. 2010; Gonçalves dos Santos et al., 2018). Sendo assim, a seleção indireta baseada em características secundárias de baixa influência ambiental, de fácil mensuração e geneticamente correlacionadas com a característica alvo, é uma alternativa bastante interessante para maximizar a precisão na seleção (Gonçalves dos Santos et al., 2018; Santos et al., 2018).

Uma estratégia que vem sendo utilizada pelos melhoristas é o emprego dos índices de seleção, pois possibilitam agregar múltiplas informações contidas na unidade experimental. Na literatura são encontrados vários índices de seleção, os quais podem ser usados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2012). Os índices de seleção visam a obtenção da melhor predição de ganhos e a eficiência no processo de seleção para desenvolvimento de cultivares que reúnam vários atributos de interesse econômico (Cruz et al., 2012; Teixeira et al., 2017).

De forma geral, um índice de seleção deve permitir a classificação correta dos genótipos e considerar diversas características simultaneamente. Atualmente, na literatura há várias metodologias descritas para a aplicação destes índices, sendo que apresentam propósitos diferentes e devem ser avaliadas e escolhidas de acordo com o objetivo do melhorista (Vasconcelos et al., 2010; Cruz et al., 2012; Bizari et al., 2017).

Mulamba e Mock (1978) propuseram que, com base em um sistema de classificação baseado na soma de pontos (ou "ranks"). A pontuação é distribuída de acordo com as características genotípicas avaliadas. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida total, tomada como índice de seleção.

Índice genótipo-ideótipo descrito por Cruz et al. (2006) são consideradas as distâncias estimadas entre os genótipos e os valores referências, definido pelos máximos e mínimos observados e ponderados pelos respectivos pesos econômicos atribuídos a cada característica. Com base neste índice, são identificados os melhores genótipos e estimado o ganho de seleção.

Godoi e Pinheiro (2009) também realizaram estudos com objetivo de, por meio de seleção indireta, desenvolver uma linhagem de soja resistente ao percevejo da soja (*Nezara viridula*). Este trabalho, através das estimativas dos parâmetros genéticos, com base nas características associadas as respostas aos percevejos que atacam as vagens de soja, como o período de enchimento dos grãos, índice de retenção foliar, índice percentual de dano na vagem e porcentagem de sementes manchadas, concluíram que maiores níveis de resistência a essa praga

podem ser obtidos através de seleção positiva precoce de plantas que apresentem menor índice percentual de dano de vagem.

Bizari e colaboradores (2017), consistiu em comparar diferentes critérios de seleção em populações de soja em geração F<sub>5</sub>, totalizando 386 progênies, visando a obtenção de maiores ganhos. As características avaliadas foram: número de dias para maturidade, altura de planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, acamamento, valor agrônômico, número de vagens por planta, teor de óleo e produtividade de grãos. De acordo com os dados obtidos, os ganhos da seleção direta foram superiores aos da indireta para todas as características em todas as situações. A seleção direta também apresentou maiores ganhos individuais para cada caráter. Os resultados obtidos para o Índice genótipo-ideótipo não foram positivos para este estudo em nenhuma das condições avaliadas. Contudo, o índice baseado em soma pontos de Mulamba e Mock (1978), utilizando as características valor agrônômico e produtividade de grãos como características principais, proporcionou os ganhos mais favoráveis nas condições no presente estudo.

### **Referências bibliográficas**

Akram, S.; Hussain, B. M. N.; Bari, M. A. A.; Burritt, D. J.; Hossain M. 2016. A genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. *Plant Gene and Trait* [S.I.], 7(13): 1-11.

Allard, R. W. 1974. Princípios do melhoramento genético das plantas. Rio de Janeiro: Usaid, Edgard Blucher. p.381.

Almeida, A. M. R.; Ferreira, L. P.; Yorinori, J. T.; Silva, J. F. V.; Henning, A. A. Doenças da soja. In: Kimati, H.; Amorim, L.; Rezende, J.A.M.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L.E.A. 2005. Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas, São Paulo: Agronômica Ceres, (2) 596-617.

Arfaoui, A.; el Hadrami, A.; Daayf, F. 2018. Pretreatment of soybean plants with calcium stimulates ROS responses and mitigates infection by *Sclerotinia sclerotiorum*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 122: 121-128.

Barros, D. C. M.; Fonseca, I. C. B.; Balbi-Peña, M. I.; Pascholati, S. F.; Peitl, D. C. 2015. Biocontrol of *Sclerotinia sclerotiorum* and white mold of soybean using saprobic fungi from semi-arid areas of Northeastern Brazil. *Summa Phytopathologica*, 41, 4, 251-255.

- Barros, H. B.; Sedyama, T. 2009. Luz, umidade e temperatura. In: Sedyama, T. (ed.). Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecenas, 17- 27.
- Bezerra, A.R.G.; et al. Botânica e Fenologia. In: Sedyama, T.; Silva, F.; Borém, A. (Ed.) Soja: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, 2015, p. 09-26. BORÉM, A. (Ed.) Soja: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, 9-26.
- Bizari, E. H.; Val, B. H. P.; Pereira, E. D. M.; Mauro, A. O. D.; Unêdatrevisoli, S. H. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. Revista Ciência Agronômica, Fortaleza, 48(1): 110-117.
- Boland, G.J.; Hall, R. 1994. Index of plant hosts of *Sclerotinia sclerotiorum*. Canadian Journal of Plant Pathology 16: 93-108.
- Bolton, M.D.; Thomma, B.P.H.J.; Nelson, B. D. 2006. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. Molecular Plant Pathology, London. 7: 1-16.
- Borém, A.; Miranda, G. V. 2009. Melhoramento de plantas. 5ªed. Viçosa: Ed. Viçosa. p. 529.
- Borém, A.; Miranda, G. V. 2017. Melhoramento de plantas. 5ªed. Viçosa: Ed. Viçosa. Editora UFV. p. 523
- Castro, L. H. S.; Figueiró, A. A.; Nogueira, A. O. N.; Clough, S. J.; Juliatti, F. C. 2016. Resistance of soybean genotypes to *Sclerotinia sclerotiorum* isolates in different incubation environments. Genetics and molecular research, 15(4), gmr15049061.
- Ceccarelli, S. 2015. Efficiency of plant breeding. Crop Science, Madison, 55 (1): 87-97.
- Companhia Nacional de Abastecimento (Conab). 2021. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2020/2021. Décimo levantamento, Brasília, 8: 1-110. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>, acessado em 27 de julho de 2021.
- Cunha, W.G.; Tinoco, M.L.P.; Pancoti, H.L.; Ribeiro, R.E.; Aragão, F.J.L. 2010. High resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in transgenic soybean plants transformed to express an oxalate decarboxylase gene. Plant Pathology 59: 654-660.
- Cruz, C. D. Programa genes: biometria. Viçosa: UFV, 2006. v. 1, p. 382
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV.
- Cunha, W. G. 2010. Resistência a *Sclerotinia sclerotiorum* em plantas de soja geneticamente modificadas para expressar o gene da oxalato descarboxilase de *Flammulina velutipes*. 90 f., il. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) - Universidade de Brasília, Brasília.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). 2013. Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil, 2014. Londrina: Embrapa Soja, p. 266.

Falconer, D. S. 1987. Introdução à genética quantitativa. Tradução de Silva, M. A. e Silva, J. C. Viçosa: Imprensa Universitária, p. 279.

Farias Neto, J. N.; Clement, C. R.; Resende, M. D. V. 2013. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênes de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil. *Bragantia*, 72(2), 122-126.

Fehr, W.R.; Caviness, C.E. 1977. Stages of Soybean Development. Iowa State University, Ames, IA, USA. (Special Report, 87). Disponível em: <https://lib.dr.iastate.edu/specialreports/87>, acessado em 27 de julho de 2021.

Filho, D.B. F; Júnior, J. A. S. 2009. Desvendando os Mistérios do Coeficiente de Correlação de Pearson (r). *Revista Política Hoje*, 18(1): 115–146.

Garcia, R.A., Meyer, M. C., Avila, K. A. G. B., Cunha, M. G. da. 2015. Métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50(8), 726-729.

Garcia, R.; Juliatti, F. C. 2012. Avaliação da resistência de soja a *Sclerotinia sclerotiorum* em diferentes estádios fenológicos e períodos de exposição a inoculo. *Tropical Plant Pathology*, 37(3): 196-203.

Godoi, C. R. C.; Pinheiro, J. B. 2009. Genetic parameters and selection strategies of soybean genotypes resistant to stink bug complex. *Genetics and Molecular Biology*, 32: 328-336.

Goulart, A.C.P. 2005. Fungos em sementes de soja: detecção, importância e controle. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, p. 72.

Haddad, P. E.; Leite, L. G.; Lucon, C. M. M.; Harakaya, R. 2017. Selection of *Trichoderma* spp. Strains for the control of *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean, 52:1140-1148,

Hamawaki, O. T., Sousa, L. B., Romanato, F. N., Nogueira, A. P. O., Santos Júnior, C. D., & Polizel, A. C. 2012. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae*, 3(2), 76-83.

Hüller, G. C.; Jacood Filho, D. S.; Pierre, M. L. C.; Tullio, H. E.; Grabicki, E. M. G.; Juliatti, F. C. 2016. Different methods of assessing susceptibility of soybean genotypes to white mold. *Bioscience Journal*, 32:389-402.

Huzar-Novakowiski, J., Dorrance, A. E. (2018). Ascospore inoculum density and characterization of components of partial resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean. *Plant Disease*, 102(7), 1326 -1333.

Jaccoud Filho, D. S.; Manosso Neto, M.O.; Vrisman, C.M.; Henneberg, L.; Grabicki, E.M.G.; Pierre, M.L.C.; Berger Neto, A.; Sartori, F.F.; Demarch, V. B.; Rocha, C.H. 2010. Análise, distribuição e quantificação do “mofo branco” em

diferentes regiões produtoras do estado do Paraná. In: XXXI Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil – Resumos. Londrina: Embrapa Soja, 226–228.

Juliatti, F. C.; Sagata, E.; Jaccoud Filho, D. de S.; Juliatti, B. C. M. 2014. Métodos de inoculação e avaliação da resistência de genótipos de soja à *Sclerotinia sclerotiorum*. Bioscience Journal, 30: 958-968.

Kandel, R.; Chen, C. Y.; Grau, C. R.; Dorrance, A. E.; Liu, J. Q.; Wang, Y.; Wang, D. 2018. Soybean Resistance to White Mold: Evaluation of Soybean Germplasm Under Different Conditions and Validation of QTL. Frontiers in Plant Science, 9, 505.

Martins, J. A. S.; Alves, A. B.; Garcez, M.; Juliatti, F. C. 2018. Partial resistance of soybean lines to Asian Rust and White Mold. Bioscience Journal, Uberlândia, 34, 5, 1281-1286.

Matsuo, É.; Sediyaama, T.; Cruz, C. D.; Brommonschenkel, S. H., Ferreira, S. C.; Fialho, G. S. 2015. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. Bioscience Journal, Uberlândia, 31(6): 1663-1670.

Mendel, G. 1866. Versuche uber Pflanzen-Hybriden. Journal of Hereditary 42: 3-47.

McCaghey, M.; Willbur, J.; Ranjan, A.; Grau, C. R.; Chapman, S.; Diers, B.; Groves, C.; Kabbage, M.; Smith, D. L. 2017. Development and evaluation of Glycine max germplasm lines with quantitative resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. Frontiers in Plant Science, 8, 1495.

Mulamba, N. N.; Mock, J. J. 1978. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, 7: 40-51.

Müller, L. Taxonomia e morfologia. 1981. In: Miyasaka, S.; Medina, J. C. A soja no Brasil. 1 ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 65-104.

Nogueira, A. P. O. et al. 2013. Estádio de desenvolvimento. In Sediyaama, T. 2013. Tecnologias de produção de sementes de soja. Londrina Mecenas, 15-44.

Nogueira, A. P. O.; Sediyaama, T.; Barros, Teixeira, R. C. 2009. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: Sediyaama, T. (ed.). Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecenas, 7-16.

Paula Júnior, T.J.; Vieira, R.F.; Lobo Júnior, M.; Morandi, M.A.B.; Carneiro, J.E.S. Mofo Branco. Ln: Pria, M.D.; Silva, O.C. 2010. Cultura do feijão: doenças e controle. Ponta Grossa: Editora UEPG, cap.6 e 7.

Peltier, A. J.; Hatfield, R. D.; Grau, C. R. 2009. Soybean stem lignin concentration relates to resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. Plant Disease, 93 (2), 149-154.

Peltier, A. J.; Bradley, C. A.; Chilvers, M. I.; Malvick, D. K.; Mueller, D. S.; Wise, K. A.; Esker, P. D. 2012. Biology, yield loss and control of *Sclerotinia* stem rot of soybean. Journal of Integrated Pest Management, 3(2): 1-7.

- Procópio, S. O., Balbinot Junior, A. A., Debiassi, H., Franchini, J. C. e Panison, F. 2013. Plantio cruzado na cultura da soja utilizando uma cultivar de hábito de crescimento indeterminado. *Revista de Ciência Agrária*, 56(4): 319-325.
- Ramalho, M. A. P.; Abreu, A. D. F. B.; Santos, J. B. D.; Nunes, J. A. R. 2012. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. *Lavras: UFLA*, 1: 522.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B.; Pinto, C. A. B. P.; Souza, E. A.; Gonçalves, F. M. A.; Souza, J. C. 2018. *Genética na agropecuária*. 5ª Edição (Revisada), Lavras: UFLA, 5: 207-230.
- Rambo, L.; Costa, J. A.; Pires, J.L. F.; Parcianello, G.; Ferreira, F. G. 2004. Estimativa do potencial de rendimento por estrato do dossel da soja, em diferentes arranjos de plantas. *Ciência Rural*, 34(1): 33-40.
- Ribeiro, A.S.; Toledo, J.F.F.; Ramalho, M.A.P. 2009. Interference of genotypes X environments interaction in the genetic control of resistance to Asian Rust soybean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44: 1160-1167.
- Rodrigues, H. C. A.; Carvalho, S. P.; Carvalho, A. A.; Santos, C. E. M.; Carvalho Filho, J. L. S. 2010. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de mamoneira. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, 34(6): 1390-1395.
- Santos, I. G.; Cruz, C. D.; Nascimento, M.; Rosado, R. D. S.; Ferreira, R. P. 2018. Direct, indirect and simultaneous selection as strategies for alfalfa breeding on forage yield and nutritive value. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 48(2): 178-189.
- Sediyama, T.; Oliveira, R. C. T.; Sediyama, H. A. 2016. A soja. In: Sediyama, T. *Produtividade da soja*. Londrina: Mecnas, 11-29.
- Sedyama, T.; Silva, F.; Bórem, F. 2015. *Soja: do plantio a colheita*. Viçosa, MT: Ed. UFV.
- Sediyama, T.; Teixeira, R. C.; REIS, M. S. 2005. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, 553-604.
- Sediyama, T.; Pereira, M. G.; Sediyama, C. S.; Gomes, J. L. L. 1985. Botânica, descrição da planta e cruzamentos artificial. In: *Cultura da Soja – I parte*. Viçosa: UFV, 5-6.
- Silva, P. H. 2013. Reação de linhagens de feijão comum e agressividade de isolados de *Sclerotinia sclerotiorum*. Dissertação, Programa de Pós-Graduação Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- Silva, F. C.; Melo, P. G. S.; Pereira, H. S.; Melo, L. C. 2014. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. *Genetics and Molecular Research*, 13(3), 6486-6496.
- Silveira, G. D.; Mauro, A. O. D.; Centurion, M. A. P. C. 2006. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP, Ano agrícola 2003-2004. *Científica*, 34(1) 92-98.

Steadman, J. R.; Coyne, P. D.; Cook, G. E. 1973. Reduction of severity of white mold disease on great northern beans by wider spacing and determinate plant growth habit. *Plant Disease*, Saint Paul, 57: 1070-1071.

Sulistyo, A.; Mejaya, M. J. 2018. Genetic Parameters Estimation of Agronomic Traits in Soybean Population Resistant to Whitefly. *IOP Conf. Ser.: Earth and Environmental Science*, 197, 012041.

Terán, H., Lema, M., Schwartz, H. F., Duncan, R., Gilbertson, R., Singh, S. P. 2006. Modified Petzoldt and Dickson scale for white mold rating of common bean. *Annual Reports - Bean Improvement Cooperative*, 49:115–116.

Terán, H.; Singh, S. P. 2008. Response of dry bean genotypes with different levels of resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* to three inoculation methods. *Annual report of Bean Improvement Cooperative*, Fort Collins, 51: 218-219.

Teixeira, F. G.; HAMawaki, O. T.; Nogueira, A. P. O.; Hamawaki, R. L.; Hamawaki, C. L.; Mattos, T. P.; Silveira, I. C.; Medeiros, L. A. 2017. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 16(4): 1-16.

Todeschini, M.H. 2018. Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agrônômicos. *Dissertação (Mestrado) Universidade Tecnológica Federal do Paraná*.

United States Department of Agriculture (USDA). 2021. Oilseeds: world markets and trade. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>., acessado em 27 de julho de 2021.

Vasconcelos, E. S.; Ferreira, R. P.; Cruz, C. D.; Moreira, A.; Rassini, J. B.; Freitas, A. R. 2010. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. *Revista Ceres*, 57: 205-210.

Vernetti, F. J.; Junior, F. J. V. 2009. *Genética da soja: caracteres quantitativos e diversidade genética*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 221.

Zeffa, D. M.; Perini, L. J.; Freiria, G. H.; Silva, G. M. da; Gomel, G. R.; Constantino, L.; Alves, S. M.; Koyama, R.; Oliveira Neto, S. S. de. 2019. Genetic variability in food-type soybean accessions assessed by morphoagronomic traits. *Genetics and Molecular Research*. Ribeirao Preto: Funpec-editora, 18(2): 12

Wharton, P; Kirk, W. 2007. White mold Michigan potato diseases series. *MSU Extension bulletin E-2989*.

Werner, F.; Balbinot Junior, A. A.; Ferreira, A. S.; Aguiar e Silva, M. A.; Debiasi, H.; Franchini, J. C. 2016. Soybean growth affected by seeding rate and mineral nitrogen. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 20(8): 734-738.

Wegulo, S. N.; Yang, X. B.; Martinson, C. A. 1998. Soybean cultivar responses to *Sclerotinia sclerotiorum* in field and controlled environment studies. *Plant Disease*, 82: 1264-1270.



Willbur, J. F.; Ding, S.; Marks, M. E.; Lucas, L.; Grau, C. R.; Groves, C. L.; Kabbage, M.; Smith, D. L. 2017. Comprehensive Sclerotinia stem rot screening of soybean germplasm requires multiple isolates of *Sclerotinia sclerotiorum*. *Plant disease*, 101(2), 344-353.

Willetts, H.J.; Wong, J.A.L. 1980. The biology of *Sclerotinia sclerotiorum*, *S. trifoliorum*, and *S. minor* with emphasis on specific nomenclature. *The Botanical Review*, 46: 101–165.

## Capítulo II – Soybean genotypes selection with resistance to White Mold and agronomic performance from moderately resistant parents

Lorraine Cristina Polloni-Barros<sup>1\*</sup> <https://orcid.org/0000-0002-4234-8553>, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0002-9213-3809>, Lorena Polloni<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0001-5755-570X>, Heber Leão Silva Barros<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0003-4861-459X>, Tâmara Prado de Moraes<sup>4</sup> <https://orcid.org/0000-0003-3770-6202>, Raphael Lemes Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0002-4863-7954>, Cristiane Divina Lemes Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0003-0475-1269>, Fernando Cezar Juliatti<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0001-7987-7822>, Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0001-6241-1671>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Biotecnologia, Av. Pará, 1720 –38400-90 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Ciências Agrárias, BR–050, km 78, s/n – 38410-337 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Ciências Biomédicas, Av. Maranhão, 1783 - 38405-318 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>4</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais, Rod. Machado–Paraguaçu, km 3, s/n 37750-000 – Machado, MG – Brasil.

\*Corresponding author <[lorrainepolloni@gmail.com](mailto:lorrainepolloni@gmail.com)>

Edited by: Alencar Xavier

Received March 03, 2021

Accepted June 29, 2021

DOI: <http://doi.org/10.1590/1678-992X-2021-0050>

**Citation:** Polloni-Barros, L. C. et. Al. Soybean genotypes selection with resistance to White Mold and agronomic performance from moderately resistant parents. *Sci. Agric.* v.79, n.5, e20210050, 2022.

## **Abstract**

White Mold (WM) is a yield-limiting disease of soybean. However, up to this date, there are no cultivars genetically resistant to this disease. In this context, the present study aimed to develop superior soybean lines with resistance to WM, while maintaining other desirable agronomic traits. Two early maturing soybean cultivars (i.e. EMGOPA 316 and MG/BR 46–Conquista), moderately resistant to WM were used for biparental crosses from which the analyzed population was derived from. Therefore, we assessed the resistance to WM in early-generation testing of this population. Additionally, we determined the agronomic traits, genetic parameters and selection gains. From 348 F<sub>2</sub> genotypes, 35 transgressive genotypes moderately resistant to WM were identified, of which 22 genotypes showed desirable agronomic traits for early cycle and grain yield. Moreover, 69 lines were selected as the most promising genotypes for each agronomic trait (i.e. number of days to flowering and maturity, plant height at flowering and maturity, number of nodes on main stem at flowering and maturity, number of pods, grain yield, etc.). Among these selected lines, ten progenies were the superior genotypes for grain yield and early cycle. All together, these results demonstrated that the cross between EMGOPA 316 × MG/BR 46 (Conquista) revealed promising progenies with moderate resistance to WM and/or desirable agronomic traits. Therefore, these lines could be used as future resources for breeding efforts aiming to improve resistance to WM.

**Keywords:** *Glycine max*, generation analysis, genetic parameters, disease resistance, plant breeding

## 1. Introduction

Soybean [*Glycine max* (L.) Merr] is one of the most important commodities of the international agricultural trade (Gale et al., 2019), with 361 million metric tons produced globally in 2020/21. Currently, Brazil is the world's top producer followed by the United States and Argentina (USDA, 2021).

Importantly, one of the main factors that can limit the worldwide soybean production is the occurrence of diseases (Martins et al., 2018). Soybean white mold (WM), caused by *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, is a yield-limiting disease of soybean that causes reduction in productivity as high as 60% to growers when environmental conditions are favorable (Cunha et al., 2010; McCaghey et al., 2017). This necrotrophic and polyphagous fungus is capable of infecting up to 400 different species (Boland and Hall, 1994).

Currently, there are no cultivars genetically resistant to *S. sclerotiorum* available (Kandel et al., 2018). However, several studies have demonstrated that individual cultivars can differ in susceptibility, thus representing a key element for breeding programs (Juliatti et al., 2014; Kandel et al., 2018; Roth et al., 2020).

Indeed, the main objective of any breeding program is to identify, among the segregating populations, the few lines with the best genetic combinations, including grain quality, grain yield, adaptation and disease resistance. This decision to select the most promising lines should be taken in the earliest possible generations (Ribeiro et al., 2009). In this regard, an efficient estimation of genetic parameters such as variance components, heritability and selection gain can result in a more efficient selection process to obtain promising genotypes from segregating populations (Hamawaki et al., 2012; Silva et al., 2014).

Therefore, in this study, the main purpose was to develop a segregant soybean population, from parents with moderate resistance to WM, that exhibit favorable agronomics traits such as high yields and disease resistance. This would allow the use of these lines in breeding programs as a source of WM resistance to accelerate the development of elite cultivars.

## **2. Materials and Methods**

All the experiments were performed throughout the season of 2017–2019, in the municipality of Uberlândia, state of Minas Gerais, Brazil (18°52 'S, 48°20 'W, altitude of 805 m).

### **2.1. Plant materials**

Two early maturing soybean cultivars moderately resistant to the fungus *S. sclerotiorum* [i.e. EMGOPA 316 (maturity group: 7.5) and MG/BR 46 – Conquista (maturity group: 8.1)] were used for biparental crosses from which the analyzed population was derived from. The cultivar EMGOPA 316 is a result of the crossing between FT 79–2564 × Emgopa 302 cultivars, carried out in Goiânia, Goiás State, Brazil. MG/BR 46 (Conquista) is a cultivar resulting from the crossing of Lo 76–4484 × Numbaíra, conducted in Uberaba, Minas Gerais State, Brazil.

### **2.2. F<sub>1</sub> and segregating generations**

To obtain the first generation of hybridization (F<sub>1</sub>), parental materials were sown in four plastic pots every 4 days in a greenhouse during four months, starting on Jan/2017, where each plastic pot contained two plants. Plants were grown in 17.5 cm × 17.5 cm × 20 cm (Height × Width × Length) plastic pots containing substrate (1/3 organic matter and 2/3 soil), with daily irrigation. Plants were fertilized with NPK (8:28:16) every 15 days, according to the manufacturer's recommendations. A sulphur fungicide treatment was used once a week to control mildew, according to the manufacturer's recommendations. Temperature was measured daily. During the vegetative growth, at V5 stage (Fehr and Caviness, 1977), the meristems were removed to favor the ramifications. Artificial hybridizations were made using EMGOPA 316 as the female genitor (P1) and

MG/BR 46 (Conquista) as the male genitor (P2). Temperature ranged from 19 °C to 40 °C during the experimental period. Subsequently, to obtain the second generation (F<sub>2</sub>), F<sub>1</sub> seeds were sown and the hybrids were self-pollinated. Artificial hybridizations P1×P2 were made once again to obtain more F<sub>1</sub> seeds. For this experimental stage, three pots of P1, P2 and F<sub>1</sub> were sown every 5 days during two months, starting on June/2017, and each plastic pot contained two plants. Sowing and management were carried out as previously described in this section. Confirmation of the hybridization of the F<sub>1</sub> plants was performed by comparing the female parental, using the hypocotyl and flower colors as markers (Arantes, 1996; Nunes Júnior et al., 2001). The temperature inside the greenhouse during the experimental period varied from 11 °C to 40 °C.

### **2.3. Genetic and phenotypic parameters**

In order to evaluate the resistance to WM, the agronomic traits and the genetic parameters of this population, five seeds from P2, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations were sown in plastic pots (17.5 cm × 17.5 cm × 20 cm – Height × Width × Length) containing substrate (1/3 organic matter and 2/3 soil). A total of 20 P2 pots, 12 F<sub>1</sub> pots and 174 F<sub>2</sub> pots were sown in a greenhouse in Jan/2018. Two plants were placed in each plastic pot and tutored with bamboo sticks. Plants were daily irrigated. Fertilization was carried-out with NPK (8:28:16) every 15 days, according to the manufacturer's recommendations. A sulphur fungicide treatment was used once a week to control mildew, according to the manufacturer's recommendations. Temperature was measured daily. Temperature ranged from 21 °C to 35 °C during the experimental period.

Aiming to evaluate the resistance to WM, fungal inoculum was prepared from the sclerotia in the laboratory, according to the methodology defined by Juliatti et al. (2014). The isolate was obtained from commercial fields in Jataí (Goiás State – Brazil). The sclerotia were previously disinfected in 70% ethanol and 0.5% sodium hypochlorite diluted in sterile distilled water during 30 and 60 sec, respectively. After that, they were transferred to Petri dishes containing Potato Dextrose Agar (PDA) medium and incubated at 22 ± 3 °C in 12 h of photoperiod for the mycelium

formation. For the inoculation, PDA medium plugs (8 mm in diameter) containing 5 days-old fungal mycelia were used. In the greenhouse, at the R1 stage of the plants (Fehr and Caviness, 1977), the lateral stem of the first trifoliate axillary bud was cut horizontally. The inoculation with a 200 microliter pipette tip containing fungal mycelium was performed, with the mycelial side towards the plant (Chawla et al., 2013; Hüller et al., 2016). The severity of disease development was evaluated 5 days after inoculation, based on the proportion of the stem lesion length in comparison with the total stem length (both measured with a ruler). F<sub>2</sub> plants with greater resistance were considered transgressive segregates and were selected for further evaluation as F<sub>2:3</sub> genotypes.

The following agronomic traits were evaluated in the greenhouse: 1) number of days to flowering (NDF): corresponding to the period between the emergence (VE stage) and the opening of the first flower (R1 stage); 2) number of days to maturity (NDM): corresponding to the period between the VE stage to the day on which approximately 95% of the pods appeared to be mature (R8 stage); 3) plant height at flowering (PHF): which corresponds to the distance in centimeters measured between the soil level and the most distal inflorescence insertion on the main stem, assessed at the R1 stage; 4) plant height at maturity (PHM): which corresponds to the distance (cm) measured from the soil surface and the farthest flower bud on the main stem, evaluated at the R8 stage; 5) number of nodes on the main stem at flowering (NNF): all visible nodes were counted in the main stem at the R1 stage; 6) number of nodes on the main stem at maturity (NNM): all visible nodes were counted on the main stem at the R8 stage; 7) number of pods with 1 grain (PN1G), 8) number of pods with 2 grains (PN2G), 9) number of pods with 3 grains (PN3G) and 10) total number of pods (TNP): after harvest, all pods of each plant were counted; 11) number of seeds per pod (SNP): after harvesting and processing, seeds of each plant were counted; 12) one hundred seed weight (HSW): weight of one hundred grains of each plant, with three replications, was determined; and 13) grain yield (GY): the total weight of grains of each plant, with three replications, was determined. The plant stage was defined according to Fehr and Caviness (1977).

## 2.4. Genetic parameters

The averages and variances were estimated by the phenotypic data obtained from parental (P2), hybrid (F<sub>1</sub>) and segregating populations (F<sub>2</sub>). The variances were estimated by the expression:  $\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2$ , in which the environmental variance ( $\sigma_E^2$ ) was calculated using the following expression:  $\sigma_E^2 = \sigma_{P2}^2$ , where  $\sigma_{P2}^2$  is the phenotypic variance of P2. The genetic variance ( $\sigma_G^2$ ) was estimated by the equation:  $\sigma_G^2 = \sigma_P^2 - \sigma_E^2$ . Broad-sense heritability ( $h^2$ ) was calculated using the following equation:  $h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} \times 100$ . The average degree of dominance ( $Km$ ) was calculated according to the equation:  $Km = \frac{2\bar{F}_1 - (\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{\bar{P}_1 - \bar{P}_2}$ , where:  $\bar{P}_1$  is the phenotypic average of parental one,  $\bar{P}_2$  is the phenotypic average of parental two, and  $\bar{F}_1$  is the phenotypic average of F<sub>1</sub> generation. The number of genes involved in determining trait ( $n$ ) was calculated through the equation:  $n = \frac{R^2(1+0,5K^2)}{8\sigma_{GF2}^2}$ , where:  $R$  is the amplitude between parent averages ( $R = \bar{P}_1 - \bar{P}_2$ ). The selection gain rates ( $GS$  %) were determined by the following expression:  $GS = DS \cdot h^2$  and  $GS \% = \frac{GS}{\bar{X}_0}$ , where:  $GS$  is the selection gain,  $DS$  is the differential selection ( $DS = \bar{X}_S - \bar{X}_0$ ),  $\bar{X}_0$  is the observed average and  $\bar{X}_S$  is the average of selected individuals. The genetic parameters were estimated using the software GENES.

## 2.5. Resistance of transgressive segregation

To assess the resistance of the F<sub>2:3</sub> genotypes, fungal inoculums were prepared as described aforementioned (Juliatti et al., 2014). During Sept/2019, five seeds of P1, P2, BMX Desafio, BRSGO–7560 and F<sub>2:3</sub> genotypes were sown in polystyrene trays (72–cells), containing substrate, each individual cell with one plant. A randomized complete block design was used, with three replications in greenhouse conditions. The soybean cultivars BMX Desafio and BRSGO–7560 were used as a susceptible standard. Temperature was measured daily at the greenhouse (18 °C – 36 °C). At V2–V3 stage (Fehr and Caviness, 1977), the main stem of the plants was cut horizontally. The inoculation was performed according to Juliatti et al. (2014). Subsequently, plants were kept at 22 ± 2 °C in an incubator



Bio-chemical Oxygen Demand (B.O.D) with a photoperiod of 12 h. The severity of disease development was evaluated ten days after inoculation, based on the proportion of the stem lesion length in comparison with the total stem length (both measured with a ruler). The heritability and resistance trait were estimated using the software *GENES*. The data for resistance trait were normalized by the equation  $\sqrt{x + k}$ , and the values were compared by the Scott-Knott test ( $p \leq 0.05$ ). The estimation of heritability was calculated using analysis of variance (ANOVA).

### 3. Results and Discussion

#### 3.1. Disease severity evaluations

The resistance of 348 F<sub>2</sub> genotypes was tested in the greenhouse inoculation test (Lateral Stem). All genotypes exhibited different levels of symptoms and signs of WM. The severity on the F<sub>2</sub> generation ranged from 17% to 100% (Table 1). Among these genotypes, 50 lines with phenotype for resistance to WM (severity levels < 50%) were identified (Table 2). These transgressive genotypes were tested by the Main Stem method, and all genotypes showed typical symptoms and signs of WM (severity ranged from 28% to 75% – Tables 1 and 2).

Table 1 – Severity range assigned based on the assessments of the inoculation methods of *Sclerotinia sclerotiorum* (%) in F<sub>2</sub> and F<sub>2:3</sub> genotypes from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Generation	N <sup>1</sup>	Severities Lateral Stem method (%)	N <sup>2</sup>	Severities Main Stem method (%)
P1	–	–	15	13.4 – 28.7
P2	40	15.5 – 36.6	15	14.4 – 25.7
F <sub>2</sub>	348	17.6 – 100	–	–
F <sub>2:3</sub>	–	–	750	27.53 – 74.77
BMX Desafio	–	–	15	86.0 – 96.1
BRSO–7560	–	–	15	85.6 – 92.3

P1 = EMGOPA 316; P2 = MG/BR46 (Conquista); F<sub>2</sub> = self-pollination of F<sub>1</sub> plants; F<sub>2:3</sub> = self-pollination of F<sub>2</sub> plants. N<sup>1</sup> = number of individuals inoculated in the Lateral Stem method; N<sup>2</sup> = number of individuals inoculated in the Main Stem method.

Soybean breeding programs for resistance to white mold (WM) still face a challenge as the majority of methods have low to moderate correlation values between field and laboratory tests for resistance (Boland and Hall, 1987; Kim and Diers, 2000; Kandel et al., 2018). However, several studies have shown that the inoculation methods have a strong relationship with the field results. Furthermore, compared to the cotyledon and detached leaf methods, the inoculation methods were found to be more precise (Kull et al., 2003; Koga et al., 2014; Martins et al., 2018).

Table 2 – Averages of severity and resistance classification to white mold in transgressive genotypes from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Genotypes	$\bar{X}$	Resistance Classification <sup>1</sup>
BMX DESAFIO	90.10 a	S
BRSGO-7560	88.73 a	S
UFUA7P1	74.77 a	S
UFUA160P1	70.90 a	S
UFUA155P4	67.20 a	S
UFUA104P1	60.90 a	S
UFUA158P1	60.00 a	S
UFUA134P2	58.77 a	S
UFUA148P1	57.30 a	S
UFUA142P3	53.97 a	S
UFUA150P1	53.00 a	S
UFUA10P2	52.53 a	S
UFUA78P3	52.43 a	S
UFUA107P2	51.80 a	S
UFUA33P1	51.57 a	S
UFUA156P1	51.40 a	S
UFUA7P2	50.53 a	S
UFUA113P2	49.27 a	MR
UFUA96P1	48.00 a	MR
UFUA86P1	47.33 a	MR
UFUA105P2	47.07 a	MR
UFUA48P1	46.73 a	MR
UFUA138P3	45.57 a	MR
UFUA134P3	45.53 a	MR
UFUA34P3	45.50 a	MR
UFUA58P1	45.23 a	MR
UFUA84P2	45.17 b	MR
UFUA14P1	44.27 b	MR
UFUA46P1	43.67 b	MR
UFUA83P1	42.83 b	MR
UFUA106P1	42.77 b	MR
UFUA12P2	42.73 b	MR
UFUA20P1	42.43 b	MR
UFUA143P1	41.60 b	MR
UFUA144P2	39.50 b	MR
UFUA94P1	39.10 b	MR
UFUA79P1	38.70 b	MR
UFUA38P2	38.40 b	MR
UFUA140P1	37.70 b	MR
UFUA136P3	37.03 b	MR
UFUA145P2	36.00 b	MR
UFUA91P1	35.97 b	MR
UFUA28P1	35.57 b	MR
UFUA27P2	35.03 b	MR
UFUA93P2	34.50 b	MR
UFUA25P1	34.47 b	MR
UFUA86P3	33.97 b	MR
UFUA82P1	33.63 b	MR
UFUA36P1	32.90 b	MR
UFUA81P1	32.67 b	MR
UFUA96P2	29.47 b	MR
UFUA85P2	27.53 b	MR
EMGOPA 316	20.53 b	R
CONQUISTA	20.07 b	R

S = susceptible; MS = moderately susceptible; MR = moderately resistant; R = resistant;  $\bar{X}$  = averages of severity followed by different letters are statistically different according to the Scott-Knott test ( $p \leq 0.05$ ). <sup>1</sup> According to Garcia and Juliatti (2012).

The use of the Main Stem method allowed to discriminate different resistance levels of this population, based on the reactions to WM. Necrotic lesions and white fluffy mycelia were distinctly visible on the apical meristems and main stems. The development and progress of the disease occurred very rapidly in susceptible plants, whereas in resistant plants, disease progress was limited in the apical meristem.

As shown in Table 3, the results revealed the existence of genetic variance among soybean progenies for severity to WM ( $p \leq 0.05$ ). Furthermore,  $h^2$  was 47%, thus indicating that most of the phenotypic variance of the resistance to WM is environmentally controlled. Nevertheless, this should not infer that genetic components are necessarily negligible. However, according to the findings of this study and others reported in the literature (Guo et al., 2008; Kim and Dias, 2000; Kandel et al., 2018), WM resistance has low to moderate  $h^2$  estimate. Kandel et al. (2018) stated that the development of resistant genotypes has proven to be difficult due to the highly polygenic nature of inheritance, and the low heritability of the trait. Thus, there is still a need to identify cultivars that sustain heritable resistance both across environments, and with multiple isolates of *S. sclerotiorum*.

Table 3 – Summary of analysis of variance and heritability ( $h^2$ ) of segregating soybean progenies inoculated with *Sclerotinia sclerotiorum* from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

VS	DF	MS	F-value
Blocks	2	0.567878	
Genotypes	53	0.270026	1.899**
Residual	106	0.142191	
CV (%)	10.03		
$h^2$ (%)	47.34		

VS = variation source; DF = degree of freedom; MS = mean square; CV = coefficient of variation;  $h^2$  = heritability; \*\* Probability (%) = 0.27.

Therefore, in order to compare the averages of the severity of WM on genotypes, the Scott–Knott test was performed. Table 2 shows the formation of two response groups to WM: group “a” with incidence scores between 45% and 90%, composed of 24 F<sub>2:3</sub> genotypes, including the soybean cultivars BMX Desafio and BRSGO–7560 as a susceptibility standard commercial cultivars; group “b” with

incidence ranging from 20% to 45%, consisting of 26 genotypes and two commercial cultivars, EMGOPA 316 and MG/BR 46 (Conquista).

Based on the severity of the reactions to WM, the genotypes were classified as immune (absence of the disease), highly resistant (HR = 0 to 11%), resistant (R = 12 to 24%), moderately resistant (MR = 25 to 50%) and susceptible (S >50%) (Garcia et al., 2012) (Table 2). Regarding the Main Stem method, our results revealed that the parental materials were classified as resistant. Corroborating with our data, Garcia and Juliatti (2012) and Martins et al. (2018) also considered the genotype EMGOPA 316 and MG/BR 46 (Conquista) as resistant and MR, respectively, when compared to other commercial cultivars.

We also observed that 15 F<sub>2:3</sub> evaluated genotypes were classified as susceptible and 35 were moderately resistant to the WM (Table 2). The rank of each genotype varied according to each experiment (Lateral Stem method and Main Stem method) (Table 1).

These results herein suggested that both methods are capable of promoting the reaction of soybean genotypes to WM. Nevertheless, when the two methods were compared, but at different developmental stages, the responses of the genotypes to the pathogen varied. Some studies described the reproductive growth stages as the most appropriate for inoculations under controlled environment because it reproduces the natural conditions of infection (Huzar–Novakowski and Dorrance, 2018; Peltier et al., 2009). On the other hand, other scientific evidences claim that the on vegetative growth stages are more convenient as it provides results more quickly, hence accelerating the stages of the breeding program (Castro et al., 2016; Willbur et al., 2017). The presence of susceptible soybean genotypes reiterates the highly polygenic nature of the inheritance and the moderate heritability of the trait, as shown in Table 3. These findings indicate that low–intensity selection in the first generations should be used for this trait, so that in later generations the truly superior individuals or progenies may be identified.

### 3.2. Cycle and production from the moderately resistant genotypes

Certain traits are critical for all cultivars in order to enter the market such as high yield potential and tolerance and/or resistance to the major diseases. According to Table 4, it was possible to identify superior genotypes in this population. In addition to reporting moderate resistance to WM, the transgressive genotypes showed an early cycle (NDM = 96 days to 116 days) and, for the most part, high production levels.

Table 4 – Cycle and production in transgressive genotypes from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Genotype	Trait				Genotype	Trait			
	NDF	NDM	HSW	GY		NDF	NDM	HSW	GY
UFUA113P2	42	98	15.62	16.98	UFUA94P1	45	104	18.82	52.50
UFUA96P1	47	108	21.91	24.82	UFUA79P1	45	100	9.69	13.86
UFUA86P1	44	98	17.23	25.84	UFUA38P2	47	103	7.53	12.34
UFUA105P2	43	116	15.47	17.94	UFUA140P1	42	105	31.72	34.23
UFUA48P1	44	108	26.01	28.42	UFUA136P3	38	97	9.16	9.35
UFUA138P3	39	100	10.28	15.36	UFUA145P2	44	107	10.52	12.62
UFUA134P3	40	109	14.79	21.44	UFUA91P1	42	105	17.15	42.36
UFUA34P3	41	100	13.85	15.39	UFUA28P1	42	105	13.94	25.65
UFUA58P1	44	110	19.64	36.93	UFUA27P2	42	105	20.85	36.91
UFUA84P2	39	106	7.23	8.89	UFUA93P2	39	101	5.51	13.44
UFUA14P1	44	111	14.54	32.42	UFUA25P1	40	112	18.19	33.84
UFUA46P1	43	100	20.16	22.16	UFUA86P3	40	109	16.59	32.35
UFUA83P1	44	108	16.33	35.11	UFUA82P1	40	108	15.18	20.80
UFUA106P1	41	109	13.91	20.59	UFUA36P1	48	112	14.97	31.74
UFUA12P2	43	96	11.01	11.97	UFUA81P1	42	109	14.79	51.92
UFUA20P1	43	106	8.81	17.28	UFUA96P2	40	106	25.27	28.71
UFUA143P1	41	104	8.64	16.61	UFUA85P2	40	105	16.13	16.46
UFUA144P2	41	106	27.70	29.12					

NDF = number of days to flowering; NDM = number of days to maturity; HSW = one hundred seed weight (grams); GY = grain yield (grams).

Several studies have shown that partial resistance to WM in soybean has been identified, but current resistance sources of commercial cultivars are limited and do not prevent significant crop yield loss (Andrade et al., 2018; Kim and Diers, 2000). Based on the grain yield (GY), 11 transgressive genotypes stood out in this population for their higher grain yield (GY = 31.74 to 52.50 grams) (Table 4). The results demonstrated the potential of these transgressive genotypes to become resistance sources to WM in breeding programs.

These findings indicate that early selection may be efficient in soybeans, as long as applied with moderate intensities. Numerous studies reported favorable

results with early generation testing (Friedrichs et al., 2016; Hegstad et al., 2019; Saint–Martin and Geraldi, 2002). It is noteworthy that eliminating the low–potential progenies is an important strategy since it enables to concentrate efforts and resources in those with high potential for desirable traits.

### 3.3. Agronomic trait statistics in the segregating population

The average and variability parameters are useful statistical tools to the breeders, since they allow inferring the genetic potential of the segregating population (Bhering, 2017). As shown in Table 5, no significant average difference was found in most of the agronomic traits between the parental and the generations, but variability was identified among the traits. This variability in an important aspect since a sufficient variability must be available to successfully develop high–yielding cultivars in breeding programs.

Table 5 – Estimation of averages and variability of agronomic traits obtained in the generations P2, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> in soybean grown in greenhouse in 2018 harvested in Uberlândia, Minas Gerais State, Brazil.

Trait	P2		F <sub>1</sub>		F <sub>2</sub>	
	$\bar{X}$	$\sigma^2$	$\bar{X}$	$\sigma^2$	$\bar{X}$	$\sigma^2$
NDF	41.37	3.27	40.50	6.26	38.68	16.53
NDM	109.05	100.25	109.29	14.38	107.03	32.35
PHF	83.07	95.45	81.00	128.09	83.26	161.86
PHM	115.00	92.51	123.25	287.93	123.37	380.63
NNF	10.00	1.33	11.21	2.34	9.24	4.10
NNM	15.27	1.53	17.83	9.79	15.63	8.63
NP1G	2.40	5.42	11.66	80.23	5.12	33.33
NP2G	18.00	63.69	37.33	291.36	22.44	208.38
NP3G	36.02	345.66	31.75	274.71	23.18	311.09
TNP	56.42	568.66	80.75	986.98	50.74	1000.41
NSP	2.62	0.11	2.25	0.05	2.36	0.04
HSW	16.13	6.69	17.72	10.38	16.49	26.62
GY	26.14	97.53	33.07	236.68	20.62	138.99

P2 = MG/BR 46 (Conquista); F<sub>1</sub> = P1×P2; F<sub>2</sub> = self–pollination of F<sub>1</sub> plants; NDF = number of days to flowering; NDM = number of days to maturity; PHF = plant height at flowering (cm); PHM = plant height at maturity (cm); NNF = number of nodes on the main stem at flowering; NNM = number of nodes on the main stem at maturity; NP1G = number of pods with 1 grain; NP2G = number of pods with 2 grains; NP3G = number of pods with 3 grains; TNP = total number of pods; NSP = number of seeds per pod; HSW = one hundred seed weight (grams); GY = grain yield (grams);  $\bar{X}$  = average;  $\sigma^2$  = variance.

The maturity time was analyzed by means of NDF (number of days to flowering) and NDM (number of days to maturity) of P2, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub>. These agronomic

traits are quite relevant for the choice of the cultivar, as they allow better planning of planting and harvesting activities. Our results demonstrated that P2 reported a NDF of 41.37 days and NDM of 109.05 days. F<sub>1</sub> (NDF = 40.50 days; NDM = 109.29 days) and F<sub>2</sub> (NDF = 38.68 days and NDM = 107.03 days) showed similar results in comparison to P2 (Table 5), thus revealing that the genotypes can be classified as an early cycle cultivar. The maturity time of a cultivar is a factor that interferes with the final severity of the WM disease. According to Yang et al. (1999), early cycle cultivars are more resistant to *S. sclerotiorum* due to the shorter flowering period, which causes lower predisposition to infection by ascospores. According to our data, Arantes (1996) described a similar maturity time to MG/BR 46 (Conquista) (NDF = 48 to 54 days and NDM = 109 to 140 days).

Other evaluated agronomic traits were PHF (plant height at flowering) and PHM (plant height at maturity), which is an important factors avoid lodging of the plants. The averages of PHM in P2 (115.00 cm), F<sub>1</sub> (123.25 cm) and F<sub>2</sub> (123.37 cm) generations were close to the recommended values (Table 5). According to Andrade et al. (2018), another important point to consider is whether plants are at an ideal height, without the occurrence of lodging, thereby allowing good air circulation and quicker drying within the crop canopy. It is worth noting that these factors can significantly reduce the intensity of WM (Andrade et al., 2018).

The number of nodes on the main stem is a critical yield component, since it is associated with the processes that determine the number of pods and seeds (Egli, 2005; Egli, 2013). The average for NNF (number of nodes on the main stem at flowering) and NNM (number of nodes on the main stem at maturity) were similar among P2 (NNF = 10.00 nodes and NNM = 15.27 nodes), F<sub>1</sub> (NNF = 11.21 nodes and NNM = 17.83 nodes), and F<sub>2</sub> (NNF = 9.24 nodes and NNM = 15.63 nodes) (Table 5). Accordingly, a greater number of nodes on a soybean plant usually means more pods and seeds. The variables number of pods per plant (TNP), number of seeds per pod (NSP) and one hundred seed weight (HSW) are pivotal components for the yield. The average values for TNP and NSP were 56.42 pods and 2.62 seeds, respectively, for P2, 80.75 pods and 2.25 seeds for F<sub>1</sub>, and 50.74 pods and 2.36 seeds for F<sub>2</sub> (Table 5).



It is known that the higher the number of pods with three grains (NP3G), the greater will be the yield. The P2 averages for NP1G, NP2G and NP3G were 2.4, 18.0 and 36.02 pods, respectively. These results were slightly better than those found in F<sub>1</sub> (NP1G = 11.66; NP2G = 37.33 and NP3G = 31.37) and F<sub>2</sub> (NP1G = 5.12; NP2G= 22.44 and NP3G = 23.18) generations, since P2 showed lower number of NP1G and NP2G and a higher number of NP3G (Table 5).

The one hundred seed weight (HSW) trait exhibits wider variation in ranges (Xin et al., 2016). The modern elite soybean cultivars report HSW above 18 grams (Yan et al., 2015). We observed that HSW average values were similar in P2 (16.13 grams), F<sub>1</sub> (17.72 grams), and F<sub>2</sub> (16.42 grams) (Table 5). All generations revealed HSW close to the minimum limit of 18 grams.

There were differences in GY (grain yield) averages among the P2 (26.14 grams), F<sub>1</sub> (33.07 grams), and F<sub>2</sub> (20.62 grams) generations. The highest GY value observed for the F<sub>1</sub> generation can be attributed to the heterosis or hybrid vigor phenomenon, since heterosis is defined as the superiority of individuals from the F<sub>1</sub> generation compared to its parents (Fehr, 1987).

We evaluated the variance components for heritability, average degree of dominance, and number of genes to agronomic traits, which play a pivotal role for the conduction of a breeding program, as well as for decision-making. As shown in Table 5, phenotypic variance oscillated from 0.04 (SNP) to 1000.41 (TNP), and genetic variance had an amplitude from 0.03 (SNP) to 431.75 (TNP). Variation in genotype is an important tool for determining the likelihood of success in breeding selection.

The environmental variance ranged from 0.01 (SNP) to 568.66 (TNP). The predominance of genetic variance higher than the environmental variance was noticed for the traits NDF, PHM, NNF, NNM, PN1G, PN2G, SNP and HSW (Table 6). The selection is favored for these traits, as indicated by the high values of genetic variance. The phenotype reflects the genotype once the genotypic variance, in absolute values, was higher than environmental variance.

Table 6 – Estimation of phenotypic variance, genotype variance, environmental variance, broad-sense heritability, average degree of dominance and number of genes of agronomic traits obtained in the generations P2, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> in soybean grown in greenhouse in 2018 harvested in Uberlândia, Minas Gerais State, Brazil.

Trait	Parameters					
	$\sigma_p^2$	$\sigma_G^2$	$\sigma_E^2$	$h^2(\%)$	$Km$	n
NDF	16.53	13.26	3.26	80.24	-0.56	5.89
NDM	32	–	100	–	-1.12	–
PHF	161.86	66.40	95.45	41.03	-0.54	7.95
PHM	380.63	288.12	92.51	75.69	-2.49	5.15
NNF	4.10	2.773	1.33	67.53	66.66	5.45
NNM	8.63	7.09	1.54	82.18	-54.06	4.51
PN1G	33.33	27.90	5.42	83.72	1.05	10.75
PN2G	208.38	144.69	63.69	69.43	0.85	7.311
PN3G	311.09	–	345.66	–	-0.40	–
TNP	1000.41	431.75	568.66	43.15	2.14	8.67
NSP	0.04	0.03	0.01	71.60	0.63	6.96
HSW	26.62	19.92	6.69	74.84	-7.71	6.71
GY	138.99	41.46	97.53	29.82	-9.77	15.74

NDF = number of days to flowering; NDM = number of days to maturity; PHF = plant height at flowering (cm); PHM = plant height at maturity (cm); NNF = number of nodes on the main stem at flowering; NNM = number of nodes on the main stem at maturity; PN1G = number of pods with 1 grain; PN2G = number of pods with 2 grains; PN3G = number of pods with 3 grains; TNP = total number of pods; NSP = number of seeds per pod; HSW = one hundred seed weight (grams); GY = grain yield (grams);  $\sigma_p^2$  = phenotypic variance;  $\sigma_G^2$  = genotype variance;  $\sigma_E^2$  = environmental variance;  $h^2$  = broad-sense heritability (%);  $Km$  = average degree of dominance; n = number of genes in determining trait.

In the current study, the heritability for the agronomic traits ranged from zero to 82 %. The traits NDF (80%), PHM (75%), NNF (67%), NNM (82%), PN1G (83%), PN2G (69%), NSP (71%) and HSW (7%) reported high  $h^2$  estimate (Table 6). These findings indicate that most of the phenotypic variance of these agronomic traits were genetically controlled. Moreover, high heritability turns viable the selection of individuals in the initial generations of self-fertilization. In agreement with our results, various studies described high  $h^2$  for the same traits studied herein (Leite et al., 2016; Volpato et al., 2019; Zhang et al., 2015). In turn, PHF (41%), TNP (43 %), and GY (29%) presented lower  $h^2$  value (Table 6), which means that the selection for this traits should be practiced in advanced generations (trials conducted in various locations and years) for the identification of superior genotypes because of the influence of the environmental interaction.

We also investigated the selection gain once it highlights the superior individuals in a base–population. Furthermore, the variable is considered an efficient guide to breeders. In order to obtain selection gain, it is necessary the existence of genetic variability inside a base–population, and the magnitude of the effects that it masks (environmental components and interaction) (Hamawaki et al., 2012). With the purpose of selecting the best individuals, considering the reduction of the vegetative cycle and increase of the other traits, a selection intensity of 20% was applied and 69 individuals were chosen (Tables 7 and 8).

The selection gain for NDM returned one of the lowest individual gain (14%), and the variation was from 92 to 97 days, with an average of 95.59 days (Table 7). This result demonstrates that the selected individuals have an earlier cycle when compared to the P2 parent, which attracts the interest of the current market. The traits with higher selection gains were PN1G (114%) and PN2G (71%), followed by TNP (44 %) (Table 8).

Table 7 – Selected individuals in F<sub>2</sub> soybean population from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista), average of selected individuals ( $\bar{X}_s$ ) and selection gain (GS %) of agronomic characters.

SI	NDM	SI	PHF	SI	PHM	SI	NNF	SI	NNM
UFUA1P1	92	UFUA7P1	100	UFUA2P1	155	UFUA2P1	12	UFUA2P1	19
UFUA5P2	93	UFUA11P3	74	UFUA2P2	144	UFUA14P1	11	UFUA2P2	18
UFUA8P3	97	UFUA29P2	84	UFUA7P1	145	UFUA19P1	13	UFUA7P1	18
UFUA9P1	97	UFUA31P1	104	UFUA13P1	180	UFUA20P1	11	UFUA10P1	21
UFUA9P2	97	UFUA33P1	95	UFUA33P1	158	UFUA21P1	11	UFUA11P3	25
UFUA9P3	97	UFUA36P1	106	UFUA34P1	141	UFUA22P1	12	UFUA22P1	21
UFUA11P2	92	UFUA38P1	98	UFUA36P1	143	UFUA25P1	12	UFUA23P1	19
UFUA12P1	96	UFUA38P2	102	UFUA36P2	174	UFUA29P1	11	UFUA25P1	18
UFUA12P2	96	UFUA42P1	118	UFUA38P1	151	UFUA29P2	11	UFUA28P1	18
UFUA13P1	97	UFUA42P2	116	UFUA42P1	162	UFUA31P1	12	UFUA29P1	21
UFUA16P2	97	UFUA46P2	104	UFUA42P2	152	UFUA32P1	11	UFUA29P2	18
UFUA20P2	97	UFUA46P3	98	UFUA43P1	152	UFUA33P1	11	UFUA31P1	22
UFUA21P2	97	UFUA47P2	94	UFUA44P1	147	UFUA34P1	12	UFUA33P1	23
UFUA22P2	96	UFUA48P1	107	UFUA44P2	165	UFUA34P2	11	UFUA34P1	20
UFUA24P2	97	UFUA49P1	98	UFUA45P1	141	UFUA36P1	13	UFUA36P1	18
UFUA34P2	97	UFUA49P2	103	UFUA46P1	157	UFUA38P1	12	UFUA38P1	22
UFUA40P2	93	UFUA51P1	101	UFUA47P2	140	UFUA40P1	11	UFUA40P1	22
UFUA43P3	97	UFUA53P1	97	UFUA48P1	151	UFUA40P2	15	UFUA42P1	20
UFUA44P3	93	UFUA58P1	111	UFUA49P2	150	UFUA41P1	13	UFUA42P2	21
UFUA46P2	93	UFUA58P2	106	UFUA51P1	140	UFUA42P1	12	UFUA43P1	19
UFUA52P3	99	UFUA62P2	100	UFUA51P2	153	UFUA42P2	13	UFUA45P1	20
UFUA53P2	92	UFUA64P2	96	UFUA52P1	162	UFUA45P1	15	UFUA48P1	19
UFUA55P1	97	UFUA66P1	97	UFUA53P1	146	UFUA48P1	11	UFUA52P1	19
UFUA55P2	97	UFUA66P2	105	UFUA54P2	162	UFUA57P1	14	UFUA58P2	20
UFUA63P1	96	UFUA68P1	100	UFUA58P1	142	UFUA58P1	13	UFUA73P1	22
UFUA64P1	97	UFUA68P2	106	UFUA58P2	157	UFUA58P2	12	UFUA75P1	21
UFUA64P2	97	UFUA69P2	106	UFUA61P2	151	UFUA60P1	12	UFUA78P1	21
UFUA65P1	97	UFUA70P2	98	UFUA64P1	156	UFUA69P1	12	UFUA80P1	19
UFUA65P2	97	UFUA70P3	104	UFUA66P2	153	UFUA73P1	11	UFUA80P2	19
UFUA65P3	97	UFUA72P2	108	UFUA66P4	150	UFUA75P1	13	UFUA82P1	21
UFUA67P2	97	UFUA74P1	94	UFUA68P1	147	UFUA76P1	14	UFUA84P1	19

UFUA69P2	97	UFUA76P1	95	UFUA69P1	144	UFUA77P1	11	UFUA85P1	19
UFUA70P3	95	UFUA78P2	95	UFUA70P1	143	UFUA78P1	12	UFUA85P2	19
UFUA72P2	93	UFUA85P1	112	UFUA70P2	150	UFUA78P2	12	UFUA87P1	19
UFUA74P1	93	UFUA91P1	102	UFUA73P1	150	UFUA80P1	11	UFUA87P2	19
UFUA79P2	97	UFUA93P1	97	UFUA80P2	162	UFUA82P1	14	UFUA89P1	20
UFUA79P3	97	UFUA95P1	94	UFUA85P1	141	UFUA85P1	12	UFUA90P1	19
UFUA86P2	97	UFUA98P1	94	UFUA104P3	162	UFUA85P2	12	UFUA91P1	19
UFUA102P2	97	UFUA99P1	104.5	UFUA105P1	166	UFUA91P1	12	UFUA92P1	21
UFUA103P2	97	UFUA103P2	94	UFUA107P2	156	UFUA92P1	14	UFUA95P1	19
UFUA104P1	97	UFUA107P2	115	UFUA110P1	145	UFUA93P1	12	UFUA96P1	21
UFUA104P2	97	UFUA110P1	110	UFUA112P2	145	UFUA94P1	12	UFUA98P1	19
UFUA110P2	93	UFUA111P1	105.5	UFUA112P3	161	UFUA96P1	12	UFUA99P1	20
UFUA111P2	97	UFUA114P2	96	UFUA113P2	145	UFUA96P3	12	UFUA101P2	19
UFUA114P2	95	UFUA116P1	104	UFUA113P3	169	UFUA98P1	13	UFUA105P1	20
UFUA116P1	97	UFUA116P2	98	UFUA115P1	153	UFUA99P1	12	UFUA106P1	21
UFUA117P1	92	UFUA120P2	96	UFUA116P2	148	UFUA101P1	12	UFUA107P2	20
UFUA120P2	93	UFUA121P3	105	UFUA117P1	141	UFUA106P1	13	UFUA109P2	20
UFUA120P3	93	UFUA122P1	95	UFUA123P1	141	UFUA109P2	12	UFUA110P1	20
UFUA121P2	97	UFUA122P2	101	UFUA124P1	143	UFUA110P1	13	UFUA113P1	20
UFUA126P2	93	UFUA124P1	103	UFUA129P2	143	UFUA111P1	14	UFUA115P1	23
UFUA128P1	97	UFUA124P3	108	UFUA134P1	165	UFUA117P1	12	UFUA117P1	23
UFUA128P2	97	UFUA131P1	100	UFUA135P1	141	UFUA123P1	13	UFUA125P1	22
UFUA128P3	96	UFUA135P1	103	UFUA135P2	142	UFUA125P1	13	UFUA134P1	21
UFUA130P1	97	UFUA135P3	105	UFUA136P1	142	UFUA127P2	12	UFUA137P1	20
UFUA130P2	97	UFUA136P2	100	UFUA139P2	158	UFUA130P1	12	UFUA139P2	19
UFUA130P3	94	UFUA137P3	97	UFUA140P2	151	UFUA131P1	13	UFUA140P1	22
UFUA132P2	97	UFUA138P1	96	UFUA148P2	153	UFUA138P3	12	UFUA140P2	20
UFUA135P3	96	UFUA138P3	101	UFUA149P1	172	UFUA141P1	12	UFUA141P2	21
UFUA136P3	97	UFUA139P2	114	UFUA152P2	142	UFUA141P2	13	UFUA142P1	20
UFUA137P2	97	UFUA140P2	95	UFUA153P3	181	UFUA144P1	12	UFUA143P1	19
UFUA137P3	95	UFUA143P1	103	UFUA154P3	141	UFUA145P2	12	UFUA144P1	21
UFUA138P2	97	UFUA155P1	94	UFUA155P3	144	UFUA156P2	12	UFUA146P1	21
UFUA142P3	95	UFUA155P2	98	UFUA156P3	151	UFUA157P1	12	UFUA148P2	19
UFUA145P3	93	UFUA156P1	97	UFUA157P1	154	UFUA158P1	13	UFUA149P1	23
UFUA146P3	93	UFUA157P1	111	UFUA157P2	146	UFUA159P1	12	UFUA152P2	23
UFUA147P3	96	UFUA157P2	104	UFUA157P3	151	UFUA160P1	12	UFUA153P3	21
UFUA155P2	96	UFUA162P3	95	UFUA163P2	149	UFUA161P1	12	UFUA156P3	19
UFUA157P3	95	UFUA163P2	104	UFUA163P3	142	UFUA162P3	12	UFUA158P1	19
$\bar{X}_s$	95.59	$\bar{X}_s$	101.62	$\bar{X}_s$	151.59	$\bar{X}_s$	12.25	$\bar{X}_s$	20.19
<i>GS</i> %	14.68	<i>GS</i> %	9.04	<i>GS</i> %	17.32	<i>GS</i> %	21.90	<i>GS</i> %	23.93

SI = Selected individuals; NDF = number of days to flowering; NDM = number of days to maturity; PHF = plant height at flowering; PHM = plant height at maturity; NNF = number of nodes on the main stem at flowering; NNM = number of nodes on the main stem at maturity;  $\bar{X}_s$  = mean of selected individuals; *GS* % = selection gain.

The selection gain for NDM returned one of the lowest individual gain (14%), and the variation was from 92 to 97 days, with an average of 95.59 days (Table 7). This result demonstrates that the selected individuals have an earlier cycle when compared to the P2 parent, which attracts the interest of the current market. The traits with higher selection gains were PN1G (114%) and PN2G (71%), followed by TNP (44%) (Table 8).

Table 8 – Selected individuals in F<sub>2</sub> soybean population from the cross EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista), average of selected individuals ( $\bar{X}_s$ ) and selection gains (*GS* %) of agronomic characters.

SI	PN1G	SI	PN2G	SI	TNP	SI	SNP	SI	HSW	SI	GY
UFUA2P1	8	UFUA10P1	94	UFUA2P1	85	UFUA1P2	2.71	UFUA5P1	22.30	UFUA2P1	35.58

UFUA2P2	12	UFUA14P1	52	UFUA10P1	133	UFUA5P1	2.66	UFUA5P2	22.34	UFUA5P1	29.66
UFUA6P3	8	UFUA18P1	36	UFUA14P1	95	UFUA7P2	2.67	UFUA7P1	20.54	UFUA6P3	31.24
UFUA10P1	10	UFUA19P1	47	UFUA17P1	76	UFUA9P2	2.67	UFUA9P3	23.39	UFUA14P1	32.42
UFUA16P2	11	UFUA20P1	53	UFUA18P1	84	UFUA10P1	2.78	UFUA11P1	31.40	UFUA16P3	30.44
UFUA19P1	11	UFUA21P1	52	UFUA19P1	114	UFUA12P1	2.09	UFUA16P3	22.39	UFUA18P1	39.19
UFUA20P1	24	UFUA22P1	58	UFUA20P1	89	UFUA15P1	2.65	UFUA21P1	21.28	UFUA19P1	49.50
UFUA21P1	8	UFUA24P1	44	UFUA21P1	111	UFUA17P1	2.62	UFUA24P2	29.70	UFUA22P2	53.57
UFUA22P1	9	UFUA24P3	39	UFUA22P1	150	UFUA23P1	2.63	UFUA24P3	22.78	UFUA23P1	39.67
UFUA24P1	9	UFUA27P2	34	UFUA23P1	86	UFUA25P2	2.76	UFUA27P2	20.85	UFUA24P3	59.22
UFUA25P1	10	UFUA28P1	37	UFUA24P1	84	UFUA26P1	2.67	UFUA33P1	21.05	UFUA25P1	33.84
UFUA28P1	11	UFUA29P1	32	UFUA24P3	103	UFUA27P1	2.65	UFUA38P1	27.17	UFUA26P1	36.06
UFUA29P1	11	UFUA29P2	42	UFUA25P1	79	UFUA35P1	2.67	UFUA42P1	23.48	UFUA27P2	36.91
UFUA31P1	36	UFUA31P1	38	UFUA26P1	94	UFUA36P1	2.55	UFUA45P1	19.81	UFUA29P2	44.15
UFUA32P1	24	UFUA32P1	48	UFUA28P1	81	UFUA38P2	2.54	UFUA46P1	20.16	UFUA33P1	52.41
UFUA33P1	18	UFUA33P1	65	UFUA29P2	99	UFUA39P2	2.54	UFUA47P1	26.48	UFUA35P1	35.98
UFUA34P1	16	UFUA34P1	61	UFUA31P1	116	UFUA40P1	2.54	UFUA48P1	26.01	UFUA36P1	31.74
UFUA38P1	21	UFUA36P2	42	UFUA32P1	106	UFUA41P3	2.72	UFUA49P2	27.59	UFUA36P2	45.12
UFUA31P1	8	UFUA38P1	46	UFUA33P1	142	UFUA44P2	2.57	UFUA51P2	23.49	UFUA40P1	34.95
UFUA41P3	9	UFUA41P1	37	UFUA34P1	114	UFUA49P3	2.63	UFUA54P2	23.06	UFUA41P3	33.92
UFUA44P1	10	UFUA41P3	33	UFUA36P1	89	UFUA51P3	2.62	UFUA56P3	22.30	UFUA47P3	54.64
UFUA47P3	8	UFUA44P1	35	UFUA36P2	75	UFUA53P2	2.62	UFUA58P1	19.64	UFUA55P3	30.46
UFUA48P1	49	UFUA45P1	47	UFUA38P1	128	UFUA55P2	2.55	UFUA61P1	20.31	UFUA58P1	36.93
UFUA49P2	12	UFUA48P1	45	UFUA40P2	83	UFUA58P1	2.54	UFUA63P2	30.50	UFUA60P1	31.83
UFUA53P2	9	UFUA58P1	32	UFUA42P1	77	UFUA58P2	2.72	UFUA64P2	32.66	UFUA60P2	43.28
UFUA60P1	10	UFUA60P2	51	UFUA45P1	106	UFUA61P1	2.68	UFUA66P4	19.57	UFUA70P3	34.79
UFUA60P2	24	UFUA63P2	37	UFUA48P1	173	UFUA62P3	2.67	UFUA69P1	21.29	UFUA74P1	33.71
UFUA61P1	8	UFUA69P2	33	UFUA58P2	74	UFUA64P3	2.60	UFUA72P2	29.75	UFUA75P1	51.83
UFUA62P3	9	UFUA73P1	33	UFUA60P2	109	UFUA65P1	2.57	UFUA73P1	19.27	UFUA76P1	49.57
UFUA70P1	8	UFUA75P1	48	UFUA69P2	86	UFUA65P2	2.71	UFUA75P1	21.42	UFUA77P1	31.37
UFUA73P1	13	UFUA77P1	72	UFUA73P1	110	UFUA66P2	2.62	UFUA78P1	19.62	UFUA81P1	51.92
UFUA75P1	18	UFUA78P1	33	UFUA75P1	96	UFUA77P1	2.64	UFUA78P3	20.30	UFUA82P2	46.14
UFUA77P1	26	UFUA80P1	44	UFUA77P1	144	UFUA82P2	2.57	UFUA80P2	20.05	UFUA83P2	35.11
UFUA80P2	9	UFUA82P1	76	UFUA82P1	165	UFUA83P2	2.72	UFUA84P1	19.56	UFUA84P1	35.40
UFUA81P1	15	UFUA83P2	33	UFUA84P1	97	UFUA84P1	2.66	UFUA87P1	21.55	UFUA86P3	32.35
UFUA82P1	34	UFUA86P3	35	UFUA85P1	79	UFUA84P2	2.56	UFUA91P2	20.38	UFUA87P1	42.24
UFUA89P1	24	UFUA89P1	35	UFUA89P1	145	UFUA87P1	2.65	UFUA95P1	24.09	UFUA87P2	67.43
UFUA93P1	12	UFUA94P1	78	UFUA91P1	82	UFUA90P1	2.66	UFUA96P1	21.91	UFUA89P2	31.35
UFUA94P1	18	UFUA96P1	35	UFUA92P1	89	UFUA90P2	2.66	UFUA96P2	25.27	UFUA90P1	42.36
UFUA96P1	8	UFUA98P1	35	UFUA94P1	128	UFUA93P1	2.78	UFUA97P3	19.84	UFUA92P1	42.62
UFUA101P2	10	UFUA101P1	41	UFUA95P1	94	UFUA94P1	2.54	UFUA110P1	30.71	UFUA93P1	33.51
UFUA105P1	13	UFUA105P1	46	UFUA96P1	110	UFUA97P3	2.74	UFUA114P1	36.16	UFUA94P1	52.50
UFUA107P1	12	UFUA106P2	41	UFUA98P1	82	UFUA98P1	2.56	UFUA116P3	21.48	UFUA95P2	29.94
UFUA113P2	8	UFUA110P1	63	UFUA99P1	118	UFUA102P2	2.57	UFUA121P2	26.06	UFUA96P3	36.96
UFUA113P3	11	UFUA114P1	50	UFUA105P1	127	UFUA104P1	2.64	UFUA132P2	27.78	UFUA97P3	64.10
UFUA114P1	10	UFUA115P1	39	UFUA107P1	85	UFUA105P1	2.72	UFUA133P1	25.55	UFUA99P1	35.66
UFUA115P1	17	UFUA117P1	35	UFUA110P1	146	UFUA108P2	2.66	UFUA133P2	24.48	UFUA103P2	38.77
UFUA117P1	11	UFUA125P1	47	UFUA114P1	92	UFUA113P2	2.63	UFUA134P1	28.37	UFUA104P1	31.11
UFUA119P1	18	UFUA130P2	33	UFUA115P1	81	UFUA119P1	2.57	UFUA138P1	20.09	UFUA104P3	29.86
UFUA119P2	10	UFUA131P2	34	UFUA117P1	122	UFUA122P2	2.55	UFUA140P1	31.72	UFUA106P2	51.59
UFUA122P2	8	UFUA132P2	35	UFUA119P1	115	UFUA122P3	2.65	UFUA141P1	20.04	UFUA112P2	32.56
UFUA122P3	8	UFUA134P1	42	UFUA125P1	114	UFUA124P3	2.55	UFUA144P1	19.29	UFUA114P2	37.24
UFUA125P1	11	UFUA137P2	60	UFUA131P1	98	UFUA128P4	2.55	UFUA144P2	27.70	UFUA15P1	38.45
UFUA130P2	8	UFUA139P1	50	UFUA132P2	89	UFUA132P2	2.71	UFUA145P1	24.72	UFUA116P1	32.02
UFUA132P2	14	UFUA140P1	39	UFUA134P1	99	UFUA137P2	2.61	UFUA147P3	22.67	UFUA117P1	30.78

UFUA134P1	19	UFUA141P2	40	UFUA137P2	96	UFUA138P1	2.64	UFUA148P1	22.29	UFUA127P2	33.07
UFUA137P2	15	UFUA141P2	40	UFUA139P1	99	UFUA142P1	2.60	UFUA148P2	21.24	UFUA128P4	38.35
UFUA141P1	12	UFUA142P1	59	UFUA140P2	75	UFUA142P3	2.71	UFUA148P3	19.80	UFUA130P1	34.25
UFUA141P2	11	UFUA143P1	35	UFUA141P2	77	UFUA144P1	2.55	UFUA152P2	35.55	UFUA137P1	31.49
UFUA142P1	20	UFUA144P1	35	UFUA142P1	102	UFUA145P2	2.63	UFUA153P3	23.60	UFUA138P1	39.77
UFUA144P1	11	UFUA146P1	30	UFUA143P1	94	UFUA145P3	2.59	UFUA154P1	23.36	UFUA139P1	31.49
UFUA148P2	10	UFUA148P2	54	UFUA145P1	78	UFUA147P2	2.72	UFUA154P3	19.68	UFUA142P3	35.21
UFUA152P2	12	UFUA148P3	31	UFUA146P1	128	UFUA148P1	2.57	UFUA157P1	29.26	UFUA144P1	62.87
UFUA152P3	20	UFUA149P1	40	UFUA149P1	101	UFUA155P4	2.60	UFUA157P2	20.47	UFUA147P1	30.74
UFUA154P3	14	UFUA152P3	54	UFUA152P3	104	UFUA156P4	2.69	UFUA157P3	33.59	UFUA150P1	36.65
UFUA157P3	11	UFUA153P3	41	UFUA153P3	75	UFUA157P3	2.61	UFUA158P1	22.79	UFUA156P2	53.09
UFUA158P1	13	UFUA158P1	53	UFUA158P1	133	UFUA161P1	2.59	UFUA159P1	26.71	UFUA156P3	40.42
UFUA160P2	17	UFUA159P1	58	UFUA159P1	131	UFUA163P1	2.57	UFUA160P1	34.10	UFUA163P1	40.96
UFUA162P3	13	UFUA162P3	47	UFUA162P3	78	UFUA163P3	2.61	UFUA163P2	25.01	UFUA163P2	76.27
$\bar{X}_s$	13.98	$\bar{X}_s$	45.55	$\bar{X}_s$	103.17	$\bar{X}_s$	2.63	$\bar{X}_s$	24.18	$\bar{X}_s$	40.15
<i>GS</i> %	114.80	<i>GS</i> %	71.47	<i>GS</i> %	44.58	<i>GS</i> %	8.08	<i>GS</i> %	34.92	<i>GS</i> %	28.25

SI = Selected individuals; PN1G = number of pods with 1 grain; PN2G = number of pods with 2 grains; TNP = total number of pods; SNP = number of seeds per pod; HSW = one hundred seed weight; GY = grain yield;  $\bar{X}_s$  = mean of selected individuals; *GS* % = selection gain.

Some MR transgressive genotypes were selected as superior individuals in this base-population (Tables 7 and 8). The MR genotypes that stood out in agronomic traits were: UFUA113P2, UFUA96P1, UFUA48P1, UFUA138P3, UFUA58P1, UFUA84P2, UFUA14P1, UFUA46P1, UFUA106P1, UFUA12P2, UFUA143P1, UFUA94P1, UFUA38P2, UFUA140P1, UFUA136P3, UFUA145P2, UFUA28P1, UFUA27P2, UFUA36P1, UFUA81P1, UFUA96P2, UFUA85P2. Most of the MR transgressive genotypes presented an earlier cycle and good HSW and GY, corroborating with our data in Table 4. These findings highlight the great potential of these genotypes to become cultivars that satisfy the requirements of the market.

Finally, it was possible to select ten genotypes for the traits NDM and GY (UFUA22P2, UFUA70P3, UFUA74P1, UFUA103P2, UFUA104P1, UFUA114P2, UFUA116P1, UFUA117P1, UFUA130P1 and UFUA142P3). These genotypes were the most productive and early cycle. The individuals UFUA9P1, UFUA11P2, UFUA12P1, UFUA12P2, UFUA13P1, UFUA20P2, UFUA22P2, UFUA24P2, UFUA34P2, UFUA40P2, UFUA43P3, UFUA44P3, UFUA52P3, UFUA53P2, UFUA63P1, UFUA65P1, UFUA104P1, UFUA110P2, UFUA117P1, UFUA126P2, and UFUA132P2 showed an earlier cycle. However, they are not among the most productive genotypes. The genotypes UFUA38P1 and UFUA48P1 were selected in most for the traits, except for the NDM, SNP, and GY (Tables 7 and 8).

Regarding the analyzed genotypes, the cross between EMGOPA 316 × MG/BR (Conquista) proved to be promising to seek WM resistance. The 22 lines selected with moderate resistance to WM also possessed additional desirable agronomic traits (i.e. early cycle and higher yield). The combination of early maturity with higher yield potential in a genotype that possess WM tolerance can be decisive for the success of a cultivar among soybean growers.

Additionally, 10 superior soybean lines were also selected due to the desirable traits of early maturity and higher yield. The significant expansion of the off-season corn cultivation throughout the Cerrado region in Brazil has dramatically shortened the maturity time of the preferred soybean cultivars by growers. Therefore, the early maturity trait is now considered a prerequisite for a soybean genotype to be regarded as a promising line.

The data and findings presented in this work may be of substantial value and use by breeding programs seeking to improve soybean lines for WM resistance. Moreover, soybean lines that associate disease resistance with other desirable agronomic traits can considerably accelerate the development of elite cultivars. While the molecular mechanisms responsible for the resistance trait remain to be explored, further assessments of advanced generations of this population using molecular techniques can unveil regions in the genome linked to WM resistance.

## References

- Andrade, G.C.G.; Carrer Filho, R.; Cunha, M.G. 2018. Resistance of soybean genotypes to white mold in distinct agroecosystems. *Journal of Neotropical Agriculture* 5: 7-16.
- Arantes, N.E. 1996. Morphologic and agronomic characteristics: reaction to disease = Características morfológicas e agronômicas: reação às doenças. Embrapa Soja, Londrina, PR, Brazil (in portuguese).
- Boland, G.J.; Hall, R. 1987. Evaluating soybean cultivars for resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* under field conditions. *Plant Disease* 71: 934-936.
- Boland, G.J.; Hall, R. 1994. Index of plant hosts of *Sclerotinia sclerotiorum*. *Canadian Journal of Plant Pathology* 16: 93-108.

- Bhering, L.L. 2017. Rbio: a tool for biometric and statistical analysis using the R platform. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 17: 187-190.
- Castro, L.H.S.; Figueiró, A.A.; Nogueira, A.O.N.; Clough, S.J.; Clough, F.C. 2016. Resistance of soybean genotypes to *Sclerotinia sclerotiorum* isolates in different incubation environments. *Genetics and Molecular Research* 15: 1-13.
- Cunha, W.G.; Tinoco, M.L.P.; Pancoti, H.L.; Ribeiro, R.E.; Aragão, F.J.L. 2010. High resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in transgenic soybean plants transformed to express an oxalate decarboxylase gene. *Plant Pathology* 59: 654-660.
- Chawla, S.; Bowen, C.R.; Slaminko, T.L.; Hobbs, H.A.; Hartman, G.L. 2013. A public program to evaluate commercial soybean cultivars for pathogen and pest resistance. *Plant Disease* 97: 568-578.
- Egli, D.B. 2005. Flowering, pod set, and reproductive success in soya bean. *Journal of Agronomy and Crop Science* 191: 283-291.
- Egli, D.B. 2013. The relationship between the number of nodes and pods in soybean communities. *Crop Science* 53: 1668-1676.
- Fehr, W.R.; Caviness, C.E. 1977. Stages of Soybean Development. Iowa State University, Ames, IA, USA. (Special Report, 87). Available at: <https://lib.dr.iastate.edu/specialreports/87> [Accessed Dec 26, 2020].
- Fehr, W.R. 1987. Principles of Cultivar Development. MacMillan, New York, NY, USA.
- Friedrichs, M.R.; Burton, J.W.; Brownie, C. 2016. Heterosis and genetic variance in soybean recombinant inbred line populations. *Crop Science* 56: 2072-2079.
- Gale, F.; Valdes, C.; Ash, M. 2019. The Interdependence of China, the United States, and Brazil in Soybean Trade. USDA, Washington, DC, USA. Available at: <https://www.ers.usda.gov/webdocs/outlooks/93390/ocs-19f-01.pdf?v=1370.3> [Accessed Dec 26, 2020].
- Garcia, R.; Juliatti, F. C. 2012. Evaluation of soybean resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* at different phenological stages and inoculum exposure periods = Avaliação da resistência de soja a *Sclerotinia sclerotiorum* em diferentes estádios fenológicos e períodos de exposição a inóculo. *Tropical Plant Pathology*, 37: 196-203 (in portuguese).



- Guo, X.; Wang, D.; Gordon, S.G.; Helliwell, E.; Smith, T.; Berry, S.A. 2008. Genetic mapping of QTLs underlying partial resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean PI 39269+A and PI 391589B. *Crop Science* 48: 1129-1139.
- Hamawaki, O.T.; Sousa, L.B.; Romanato, F.N.; Nogueira, A.P.O.; Santos Júnior, C.D.; Polizel, A.C. 2012. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae* 3: 76-83.
- Hegstad, J.M.; Nelson, R.L.; Chaky, J.M. 2019. Method for early generation soybean population selection using F<sub>2</sub> high-parent heterosis testing. *Crop Science* 59: 1021-1029.
- Hüller, G.C.; Jacood Filho, D.S.; Pierre, M.L.C.; Tullio, H.E.; Grabicki, E.M.G.; Juliatti, F.C. 2016. Different methods of assessing susceptibility of soybean genotypes to white mold. *Bioscience Journal* 32: 389-402.
- Huzar-Novakowiski, J.; Dorrance, A.E. 2018. Ascospore inoculum density and characterization of components of partial resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean. *Plant Disease* 102: 1326-1333.
- Juliatti, F.C.; Sagata, E.; Jaccoud Filho, D.S.; Juliatti, B.C.M. 2014. Inoculation methods to *Sclerotinia sclerotiorum* reaction resistance on Soybean = Métodos de inoculação e avaliação da resistência de genótipos de soja à *Sclerotinia sclerotiorum*. *Bioscience Journal* 30: 958-968 (in Portuguese).
- Kandel, R.; Chen, C.Y.; Grau, C.R.; Dorrance, A.E.; Liu, J.Q.; Wang, Y.; Wang, D. 2018. Soybean resistance to white mold: evaluation of soybean germplasm under different conditions and validation of QTL. *Frontiers. Plant Science* 9: 1-12.
- Kim, H.S.; Diers, B.W. 2000. Inheritance of partial resistance to *Sclerotinia* stem rot in soybean. *Crop Science* 40: 55-61.
- Koga, L.J.; Bowen, C.R.; Godoy, C.V.; Oliveira, M.C.N.; Hartman, G.L. 2014. Mycelial compatibility and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates from Brazil and the United States. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 49: 265-272.
- Kull, L.S.; Vuong, T.D.; Powers, K.S.; Eskridge, K.M.; Steadman, J.R.; Hartman, G.L. 2003. Evaluation of resistance screening methods for *Sclerotinia* stem rot of soybean and dry bean. *Plant Disease* 87: 1471-1476.

- Leite, W.S.; Pavan, B.E.; Matos Filho, C.H.A.; Alcantara Neto, F. 2016. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. *Communicata Scientiae* 7: 302-310 (in Portuguese, with abstract in English).
- Martins, J.A.S.; Alves, A.B.; Garcez, M.; Juliatti, F.C. 2018. Partial resistance of soybean lines to Asian Rust and White Mold. *Bioscience Journal* 34: 1281-1286.
- McCaghey, M.; Willbur, J.; Ranjan, A.; Grau, C.R.; Chapman, S.; Diers, B.; Groves, C.; Kabbage, M.; Smith, D.L. 2017. Development and evaluation of *Glycine max* germplasm lines with quantitative resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. *Frontiers in Plant Science* 8: 1495.
- Nunes Júnior, J.; Faria, L.C.; Monteiro, P.M.F.O.; Assunção, M.S.; Arantes, N.E.; Souza, P.I.M.; Guerzoni, R.A. 2001. EMGOPA-316 Soy Cultivar Behaviour in Minas Gerais and Mato Grosso States = Comportamento da Cultivar de Soja EMGOPA-316 no Estado de Minas Gerais e Mato Grosso. Embrapa Soja, Londrina, PR, Brazil (in Portuguese).
- Peltier, A.J.; Hatfield, R.D.; Grau, C.R. 2009. Soybean stem lignin concentration relates to resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. *Plant Disease* 93: 149-154.
- Ribeiro, A.S.; Toledo, J.F.F.; Ramalho, M.A.P. 2009. Interference of genotypes X environments interaction in the genetic control of resistance to Asian Rust soybean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 44: 1160-1167.
- Roth, M.G.; Webster, R.W.; Mueller, D.S.; Chilvers, M.I.; Faske, T.R.; Mathew, F.M.; Bradley, C.A.; Damicone, J.P.; Kabbage, M.; Smith, D.L. 2020. Integrated management of important soybean pathogens of the United States in changing climate. *Journal of Integrated Pest Management* 11: 1-28.
- Saint-Martin, S.K.; Geraldi, I.O. 2002. Comparison of three procedures for early generations testing of soybean. *Science* 45: 705-709.
- Silva, F.C.; Melo, P.G.S.; Pereira, H.S.; Melo, L.C. 2014. Genetic control and estimation of genetic parameters for seed-coat darkening of carioca beans. *Genetics and Molecular Research* 13: 6486-6496.

- United States Department of Agriculture [USDA]. 2021. Oilseeds: world markets and trade. Available at: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>. [Accessed Mar 01, 2021]
- Volpato, L.; Alves, R.S.; Teodoro, P.E.; Resende, M.D.V.; Nascimento, M.; Nascimento, A.C.C.; Ludke, W.H.; Silva, F.L.; Borém, A. 2019. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. *PLoS One* 14: e0215315.
- Willbur, J.F.; Ding, S.; Marks, M.E.; Lucas, L.; Grau, C.R.; Groves, C.L.; Kabbage, M.; Smith, D.L. 2017. Comprehensive *Sclerotinia* stem rot screening of soybean germplasm requires multiple isolates of *Sclerotinia sclerotiorum*. *Plant Disease* 101: 1344-1353.
- Xin, D.; Qi, Z.; Jiang, H.; Hu, Z.; Zhu, R.; Hu, J.; Han, H.; Hu, G.; Liu, C.; Chen, Q. 2016. QTL location and epistatic effect analysis of 100-seed weight using wild soybean (*Glycine soja* Sieb and Zucc.) chromosome segment substitution lines. *PLoS One* 11: e0149380.
- Yan, W.; Yingpeng, H.; Xue, Z.; Yongguang, L.; Weili, T.; Dongmei, L.; Yong, Z.; Wenbin, L. 2015. Mapping isoflavone QTL with main, epistatic and QTL x environment effects in recombinant inbred lines of soybean. *PLoS One* 10: e0118447.
- Yang, X.B.; Lundeen, P.; Uphoff, M.D. 1999. Soybean varietal response and yield loss caused by *Sclerotinia sclerotiorum*. *Plant Disease* 83: 456-461.
- Zhang, J.; Song, Q.; Cregan, P.B.; Nelson, R.L. 2015. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. *BMC Genomics* 16: 1-15.

### **Capítulo III – Parâmetros genéticos e estratégias de seleção aplicadas em caracteres agronômicos e resistência a *Sclerotinia sclerotiorum* em linhagens de soja**

Lorraine Cristina Polloni-Barros<sup>1\*</sup> <https://orcid.org/0000-0002-4234-8553>, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0002-9213-3809>, Lorena Polloni<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0001-5755-570X>, Heber Leão Silva Barros<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0003-4861-459X>, Tâmara Prado de Moraes<sup>4</sup> <https://orcid.org/0000-0003-3770-6202>, Raphael Lemes Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0002-4863-7954>, Cristiane Divina Lemes Hamawaki<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0003-0475-1269>, Fernando Cezar Juliatti<sup>2</sup> <https://orcid.org/0000-0001-7987-7822>, Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>1</sup> <https://orcid.org/0000-0001-6241-1671>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Biotecnologia, Av. Pará, 1720 –38400-90 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Ciências Agrárias, BR–050, km 78, s/n – 38410-337 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Uberlândia/Instituto de Ciências Biomédicas, Av. Maranhão, 1783 - 38405-318 – Uberlândia, MG – Brasil.

<sup>4</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais, Rod. Machado–Paraguaçu, km 3, s/n 37750-000 – Machado, MG – Brasil.

\*Autor correspondente: <lorrainepolloni@gmail.com>

## Resumo

Na cultura da soja, os programas de melhoramento genético têm como principal objetivo a seleção de genótipos que apresentem precocidade, alta produtividade de grãos e resistência a estresses bióticos e abióticos. O objetivo do presente trabalho foi analisar genótipos de soja oriundas de genitores de ciclo de maturação precoce, com resistência moderada ao fungo *S. sclerotiorum*; estimar parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos dos genótipos de soja das safras 2018/2019 e 2019/2020; identificar os genótipos superiores quanto aos caracteres agrônômicos, produção de grãos e resistência ao mofo branco; analisar estratégias de seleção no desenvolvimento de genótipos de soja; e determinar a reação dos genótipos da safra 2019/2020 quanto ao fungo *S. sclerotiorum*. O experimento foi realizado em campo, na fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia – MG. Foram avaliados na safra 2018/2019 quatro caracteres em 124 genótipos de soja (108 F<sub>3</sub>, 9 RC<sub>1</sub>F<sub>3</sub> e 7 RC<sub>2</sub>F<sub>3</sub>), e na safra 2019/2020, nove caracteres em 36 genótipos (23 F<sub>4</sub>, 7 RC<sub>1</sub>F<sub>4</sub> e 6 RC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>). Os experimentos foram realizados em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Visto isso, se procedeu com a análise de variância e o agrupamento dos genótipos pelo teste Scott-Knott, para ambos os experimentos. Em seguida foram estimados os ganhos de seleção para os mesmos por três estratégias: a seleção direta, a indireta e baseada em índices. Foi constatado a existência de variabilidade genética ( $p \leq 0,01$  e  $p \leq 0,05$ ), para os caracteres avaliados em ambas as safras, com exceção do número de nós no florescimento na safra 2019/2020. Os parâmetros coeficiente de determinação genotípico, coeficiente de variação genético e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental indicaram condições favoráveis a seleção para todos os caracteres estudados. A seleção direta para a produtividade de grãos na safra 2018/2019 resultou em maior ganho de seleção quando comparada a aplicação de índices de seleção. Ao praticar a seleção direta para genótipos com menor ciclo vegetativo e total, foi constatado ganho de seleção indireta positiva para peso de cem grãos (0,6% e 0,03%) e produtividade de grãos (3,72% e 1,73%). De modo geral o índice da soma de “ranks” apresentou melhor ganho de seleção total

obtidos, se comparado aos ganhos apresentados pelo índice da distância genótipo-ideótipo, e proporcionou os melhores ganhos de seleção para os caracteres de ciclo e produtividade de grãos. Utilizando as diferentes estratégias de seleção os genótipos A101P1, A114P1, A119P1, A144P1, A153P2, A158P1, A21P1, A73P1, E6P1 e F7P1 foram selecionados como superiores em relação aos demais genótipos para o caráter produtividade. A seleção direta para a produtividade de grãos na safra 2019/2020 também resultou em maior ganho de seleção quando comparada aos índices de seleção. A seleção direta mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo e aumento de produtividade. O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou melhor ganho de seleção total se comparado ao índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978). Além disso, o índice da distância genótipo-ideótipo proporcionou ganho de seleção melhor para o caráter produtividade de grãos. Para os outros caracteres, os valores de ganho de seleção em ambos os índices foram semelhantes. Os genótipos selecionados como superiores em relação aos demais genótipos para o caráter produtividade foram: A114P1, A119P1, A144P1, A158P1, A68P1, A75P1, A78P2, A90P2, E11P1, E1P1, E2P1 e F8P1. Pela análise de variância conjunta se detectou a existência de interação genótipos por ambientes ao nível de 5% de significância pelo teste F para os caracteres. A seleção direta também mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo e aumento de produtividade. O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou o mesmo ganho de seleção total e individual, para os caracteres em estudo, se comparado ao índice da soma de “ranks”. Contudo, se compararmos os ganhos de seleção direta com os valores obtidos pelos índices de seleção para todos os caracteres agrônômicos estudados, a seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores em relação à utilização dos índices de seleção. Os genótipos que foram selecionados para produção nos três métodos de seleção e foram: A101P1, A108P2, A114P1, A119P1, A144P1, A153P2, A158P1, A21P1, A68P1, A75P1, A78P2, A96P1, E6P1, E9P1, F7P1. Os genótipos mais produtivos da safra 2019/2020 foram inoculados com *S. sclerotiorum*. Os resultados revelaram a existência de variância genética entre os genótipos para severidade a *S.*

*sclerotiorum* ( $p \leq 0,05$ ). Além disso, o coeficiente de variação (CV) apresentou valor de 14,42%, indicando um conjunto de dados homogêneos. Foram classificados como moderadamente resistentes a *S. sclerotiorum* e alta produtividade de grãos os genótipos A101P1, E9P1, E7P1 e A114P1. Os genótipos avaliados neste estudo, oriundos do cruzamento entre as cultivares EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista), se mostraram promissores na busca por genótipos produtivos, que apresentem ciclo precoce e resistência a doença mofo branco. Os dados e resultados apresentados neste trabalho podem ser de valor substancial, podendo ser usados por programas de melhoramento que buscam melhorar as linhagens de soja para os caracteres agronômicos aqui abordados.

**Palavras chaves:** *Glycine max*, índice de seleção, Mofo Branco, melhoramento de soja, *cut stem*.

## 1. Introdução

O Brasil se destaca na produção mundial de grãos de soja, liderando o ranking entre os principais países produtores de soja (USDA, 2021). Na safra 2020/2021 a produção foi de 136 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 38,5 milhões de hectares, com uma produtividade média de 3.529 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2021).

A ascensão brasileira no cultivo de soja está intrinsicamente ligada ao sucesso nos estudos relacionados a área de melhoramento genético de soja. O propósito em qualquer programa de melhoramento é o desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas, com resistência às doenças, mais estáveis e melhor adaptadas às diferentes condições de cultivo. Diferentes abordagens têm sido usadas na tentativa de obtenção de linhagens com características agronômicas superiores (Hamawaki et al., 2012; Matsuo et al., 2015).

A doença do mofo branco, causada pelo fitopatógeno *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é um dos principais fatores limitantes na produção de soja no Brasil. Esta doença pode causar reduções de rendimento acima de 60% para os produtores quando as condições ambientais são favoráveis (Cunha et al., 2010; McCaghey et al., 2017). Este fungo está presente em todas as regiões brasileiras com clima ameno (Barros et al., 2015). Contudo, até a presente data, não existem cultivares geneticamente resistentes a *S. sclerotiorum* disponíveis no mercado (Kandel et al., 2018). Diversos estudos demonstraram que existem cultivares de soja comerciais com características que podem diferir significativamente em suscetibilidade, o que representa uma etapa fundamental para programas de melhoramento (Juliatti et al., 2014; Kandel et al., 2018; Martins et al., 2018).

Considerando a relevância econômica da cultura da soja e a necessidade da contínua disponibilidade de genótipos promissores com potencial de se tornarem novas cultivares, este trabalho objetivou analisar genótipos de soja oriundas de genitores de ciclo de maturação precoce, com resistência moderada ao fungo *S. sclerotiorum*; estimar parâmetros genéticos de caracteres agronômicos dos genótipos de soja das safras 2018/2019 e 2019/2020; identificar os genótipos



superiores quanto aos caracteres agrônômicos, produção de grãos e resistência ao mofo branco; analisar estratégias de seleção no desenvolvimento de genótipos de soja; e determinar a reação dos genótipos da safra 2019/2020 quanto ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum*.

## **2. Material e métodos**

### **2.1. Local de condução experimental**

O trabalho em campo foi conduzido na Área Experimental da fazenda Capim Branco (latitude 18°53'19"S, longitude 48°20'57"W e altitude de 872 m) pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia- MG, durante as safras de 2018/2019 e 2019/2020.

A parte de experimentação laboratorial foi conduzida no Laboratório de Micologia e Proteção de Plantas (LAMIP) da Universidade Federal de Uberlândia, no Instituto de Ciências Agrárias, Uberlândia- MG, durante os meses de março de 2021 a maio de 2021.

### **2.2. Material genético e delineamento experimental**

A semeadura da safra 2018/19 foi realizada manualmente no dia 17 de novembro de 2018. Foram avaliados 124 genótipos (108 F<sub>3</sub>, 9 RC<sub>1</sub>F<sub>3</sub> e 7 RC<sub>2</sub>F<sub>3</sub>) e os parentais. Visando a alta produtividade de grãos, que é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético, foi selecionado aproximadamente 30% dos genótipos da safra 2018/2019 mais produtivos para serem semeados na safra 2019/20. A semeadura da safra 2019/20 foi realizada manualmente no dia 30 de outubro de 2019. Foram avaliados 36 genótipos (23 F<sub>4</sub>, 7 RC<sub>1</sub>F<sub>4</sub> e 6 RC<sub>2</sub>F<sub>4</sub>) e os parentais. Em ambos os experimentos o delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC), com 3 repetições.

As progênies em estudo foram oriundas de genitores de ciclo de maturação precoce, com resistência moderada ao fungo *S. sclerotiorum*: EMGOPA 316 (grupo de maturidade: 7,5), como progenitor feminino (P1), e MG / BR 46 (Conquista) (grupo de maturidade: 8,1), como progenitor masculino (P2) (Tabela 1).



**Tabela 1.** Fenótipo dos pais envolvidos no estudo.

Parental	Fenótipo				
	Tipo de crescimento	Cor do hilo	Cor da pubescência	Cor do tegumento	Cor da flor
EMGOPA 316	Indeterminado	Marrom	Marrom	Amarelo	Branca
MG/BR 46 (Conquista)	Determinado	Preto	Marrom	Amarelo	Roxa

**Fonte:** Embrapa Soja. <https://www.embrapa.br/soja>.

A cultivar EMGOPA 316 é resultado do cruzamento entre as cultivares FT 79-2564 x Emgopa 302, desenvolvida pela Empresa Goiana de Pesquisa Agropecuária, em Goiânia-GO. A MG/BR 46 (Conquista) é a cultivar resultante do cruzamento entre Lo 76-4484 x Numbaíra, obtida pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), em Uberaba-MG. Diversos estudos confirmam a resistência dessas cultivares à *S. sclerotiorum* por meio de métodos de inoculação em casa de vegetação (Juliatti et al., 2014; Garcia et al., 2015; Martins et al., 2018).

### 2.3. Preparo da área experimental, semeadura e tratos culturais

A área experimental possui solo classificado como Latossolo Vermelho Escuro distrófico, onde foi coletada uma composta de solo, na profundidade de 0 a 20 cm, para realização de análise química, cujos resultados constam na Tabela 2.

**Tabela 2.** Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia - MG

pH em H <sub>2</sub> O	M.O. (dag kg <sup>-1</sup> )	P Meh <sup>-1</sup> (mg m <sup>-3</sup> )	K <sup>+</sup>	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	Al <sup>3+</sup>	H + Al	V (%)
5,6	2,2	6,6	0,31	4,1	1,0	0,0	3,40	61

**Nota:** M.O: Matéria Orgânica; V: Saturação por bases. Fonte: Laboratório de Manejo de Solos – LAMAS – UFU.

O preparo do solo para as semeaduras ocorreu com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, em seguida, foi realizada a

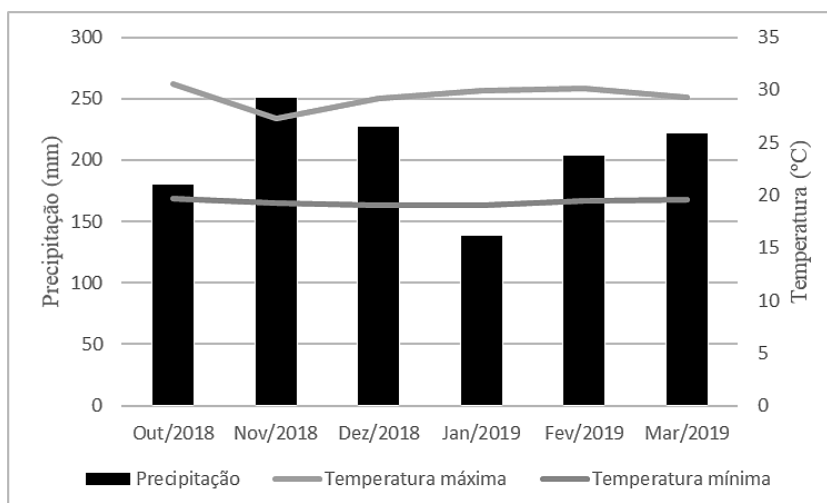
abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. A adubação do solo para a semeadura foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha<sup>-1</sup> de NPK da formulação 2:18:12, com revolvimento do adubo com o solo.

As sementes foram previamente tratadas com Carbendazim e Tiram e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Cada genótipo foi semeado em parcelas de 1,5 m de comprimento e uma densidade de semeadura de 20 sementes m<sup>-1</sup>. Posteriormente, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolaclo, 1,4 L ha<sup>-1</sup>) para controle de plantas infestantes. Foram realizadas capinas manuais com intervalo de 15 dias durante o período de desenvolvimento das plantas até o estágio R6 (Fehr e Caviness, 1977).

Uma adubação foliar com Cobalto e Molibdênio, e uma adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) (150 kg ha<sup>-1</sup>) foi realizada quando as plantas de soja se encontravam no estágio V4 da cultura (Fehr e Caviness, 1977). O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias, com a aplicação de fungicida (Tryfloxystrobin, 400 mL ha<sup>-1</sup>) e de inseticidas (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha<sup>-1</sup>).

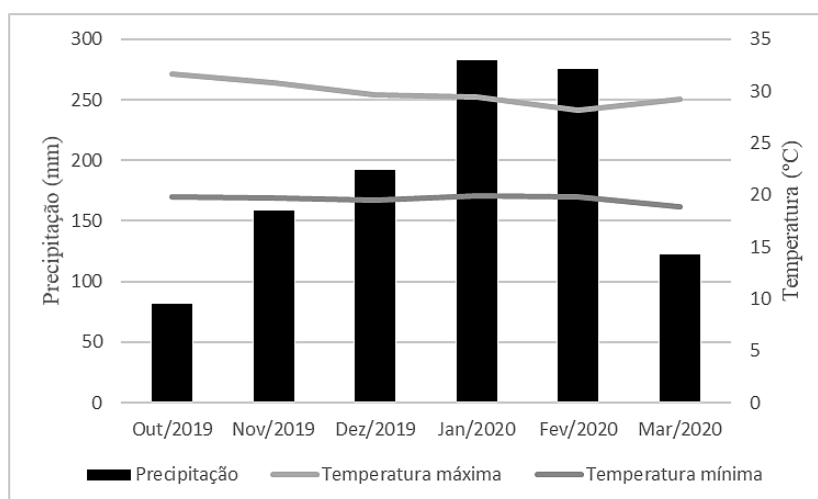
Os dados pluviométricos e de temperatura da Área Experimental da fazenda Capim Branco, no município de Uberlândia- MG, para os períodos de cultivo dos experimentos estão dispostos nas Figuras 1 e 2.

**Figura 1.** Temperatura e precipitação entre os meses de novembro/2018 a março/2018 na Área Experimental da fazenda Capim Branco em Uberlândia- MG.



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA – UFU.

**Figura 2.** Temperatura e precipitação entre os meses de outubro/2019 a março/2020 na Área Experimental da fazenda Capim Branco em Uberlândia- MG.



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA – UFU.

## 2.4. Caracteres agronômicos avaliados

A performance agronômica dos genótipos de soja da safra 2018/2019 foi mensurada com base nos seguintes caracteres, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para floração (NDF): número de dias entre a emergência e a floração, quando 50% das plantas da parcela útil possuíam pelo menos uma flor aberta;

- Número de dias para maturidade (NDM): número de dias entre a emergência e a maturidade, quando 50% das plantas da parcela útil possuíam 95% das vagens maduras, ou seja, quando se encontravam no estágio de desenvolvimento R8;
- Peso de 100 grãos (P100G): Posterior à colheita foi mensurada a massa em gramas de cem grãos da parcela útil em oito repetições, seguindo as indicações das Regras de Análise de Sementes (RAS) (MAPA, 2009) foram estimados em média o peso de cem grãos de cada parcela;
- Produtividade de grãos - PG ( $\text{kg ha}^{-1}$ ): todas as plantas da área útil foram colhidas, separadas e identificadas para posterior trilhagem. Foram determinadas a massa dos grãos e a produtividade calculada, corrigida para teor de umidade de 13%, conforme a equação:  $\text{Peso final} = \text{peso inicial} \times (100 - \text{Umidade inicial}/100 - \text{Umidade final})$ .

As avaliações dos caracteres agrônômicos dos genótipos da safra 2019/2020 foram mensurados com base em três plantas amostradas aleatoriamente na parcela útil. As seguintes características, além dos quatro caracteres citados acima (NDF, NDM, P100G e PROD), foram avaliadas de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr e Caviness (1977):

- Altura de planta na floração (APF): distância em centímetros entre a superfície do solo e o ápice da haste principal da planta no estágio de desenvolvimento R2 apresentando flor aberta em um dos dois últimos nós da haste principal, com a folha completamente desenvolvida;
- Altura de planta na maturidade (APM): distância em centímetros entre a superfície do solo e o ápice da haste principal no estágio reprodutivo R8, em que 95% das vagens atingiram a cor de vagem madura conforme a cultivar;
- Número de nós no florescimento (NNF) e na maturidade (NNM): contagem do número de nós na haste principal no florescimento (R1) e maturidade (R8);
- Número de vagens totais (NV): contagem do número de vagens totais, na planta, posterior à colheita.

## **2.5. Análises estatísticas**

Os dados experimentais foram submetidos à análise de variância individual

para cada safra, conforme modelo a seguir:

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

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 experimento;

$B_j$ : efeito do bloco  $j$ ;

$G_i$ : efeito do genótipo  $i$ ;

$E_{ij}$ : efeito do erro aleatório.

Foram estimados o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) e a razão entre o coeficiente de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ).

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

Em que:

$CV_g$ : Coeficiente de variação genotípica;

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

$m$ : média geral.

Em seguida foi estimado a herdabilidade com base na equação a seguir:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \times 100$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_E^2$$

Em que:

$h^2$ : Herdabilidade;

$\sigma_G^2$ : Variância genética;

$\sigma_F^2$ : Variância fenotípica;

$\sigma_E^2$ : Variância Ambiental.

Seguidamente, por meio do teste de médias de Scott-Knott, os genótipos foram agrupados aos níveis de 5% de probabilidade.

Os dados experimentais das safras 2018/2019 e 2019/2020 foram submetidos à análise de variância conjunta, conforme modelo a seguir:

$$Y_{ijk} = m + B/A_{jk} + G_i + A_j + G_{Aij} + E_{ijk}$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : representa o i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente e no k-ésimo bloco; m: é a média geral;

$B/A_{jk}$ : corresponde ao bloco dentro de ambiente no j-ésimo ambiente e no k-ésimo bloco;

$G_i$ : é o efeito do i-ésimo genótipo;

$A_j$ : é o efeito do j-ésimo ambiente;

$G_{Aij}$ : é o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;

$E_{ijk}$ : é o efeito do erro experimental.

Em seguida foi estimado a herdabilidade com base na equação a seguir:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \times 100$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_E^2$$

Em que:

$h^2$ : Herdabilidade;

$\sigma_G^2$ : Variância genética;

$\sigma_F^2$ : Variância fenotípica;

$\sigma_E^2$ : Variância Ambiental.

Em seguida, com a finalidade de se observar o comportamento dos caracteres agronômicos NDF, NDM, P100G e PROD para ambas as safras, foi realizado o teste de médias de Tukey, onde os genótipos foram agrupados aos níveis de 5% de probabilidade.

Visando a alta produtividade de grãos, foi selecionado nas análises individuais



30% dos genótipos mais produtivos da safra 2018/19 e 55% na safra 2019/20. Para a análise conjunta, também se optou pela seleção de 55% dos genótipos mais produtivos. Deste modo, determinaram-se o ganho de seleção para os caracteres adotando três estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e baseada em índices. Para a seleção direta e indireta foram estimados os ganhos de seleção (GS) baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

$$GS_i = (X_{s_i} - X_{oi})H_i^2 = DS_iH_i^2$$

Em que:

$GS_i$ : ganho de seleção direto no i-ésimo caráter;

$X_{s_i}$ : média das linhagens selecionadas para o caráter i;

$X_{oi}$ : média original da população para o caráter i;

$H_i^2$ : Coeficiente de determinação genotípico do caráter i;

$DS_i$ : diferencial de seleção praticado na população.

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

Em que:

$GS_{j(i)}$ : ganho de seleção indireto no j-ésimo caráter pela ação no i-ésimo caráter;

$DS_{j(i)}$ : diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter j nos indivíduos selecionados com base no caráter i.

O índice de seleção baseado na soma de “ranks” tem base na classificação dos genótipos para cada caráter em ordem favorável ao melhoramento. De acordo com os ganhos de seleção direto e indireto, e então, somar as ordens de cada caráter para o genótipo resultando uma medida somada que é 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;

$r_j$ : classificação de um indivíduo para o caráter j;

$r_n$ : número de variáveis consideradas no índice.

Para a estimativa do índice da distância genótipo-ideótipo foram calculados a média e os valores máximos e mínimos de cada caráter. Foram considerados  $X_{ij}$  como a média do valor fenotípico do caráter  $j$  no genótipo  $i$ ,  $Y_{ij}$  representa a média transformada do valor fenotípico, e  $C_{ij}$  que é a constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim teve-se:

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

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

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

Em que,

$L_j$ : 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.

Foi considerado então  $C_j = LS_j - L_j$ . Assim o valor da constante  $C_j$  garantiu que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do ótimo 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.

A padronização e ponderação do valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi realizada 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), conforme a equação a seguir:

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

A ordem de seleção será mantida como decréscimo para NDF e NDM e acréscimo para os demais caracteres. O tratamento estatístico dos dados para as análises de variância individuais e conjunta, os parâmetros genéticos, os seus estimadores, os testes de médias e para os índices de seleção foram realizados com o programa computacional Genes.

## **2.6. Identificação de genótipos resistentes à *S. sclerotiorum* na safra 2019/2020**

Para avaliar a resistência dos genótipos da safra 2019/2020, os inóculos de *S. sclerotiorum* foram preparados em laboratório conforme descrito por Juliatti et al. (2014). O isolado foi obtido em campos comerciais na cidade de Jataí (Estado de Goiás - Brasil). Os escleródios foram previamente desinfetados com etanol 70% e hipoclorito de sódio 0,5% diluído em água estéril destilada por 30 e 60 segundos, respectivamente. Em seguida, foram transferidos para placas de Petri contendo meio de cultura Batata-Dextrose-Agar (BDA) e incubados a  $22 \pm 3^\circ\text{C}$  em 12 h de fotoperíodo, para a formação do micélio.

Para a inoculação, foram usados discos de meio de cultura BDA (8 mm de diâmetro) contendo micélios fúngicos com 5 dias de idade. Durante Abril/2021, cinco sementes de Emgopa 316, CONquista, BMX Desafio, BRSGO-7560 e dos 21 genótipos mais produtivos da safra 2019/2020 (Tabela 9) foram semeadas em bandejas de poliestireno (72-células), contendo substrato, onde cada célula continha uma planta. Foram realizadas duas irrigações por dia, uma no período da manhã e outra no período da tarde, durante todo o experimento. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições em casa de vegetação. As cultivares de soja BMX Desafio e BRSGO-7560 foram utilizadas como padrão suscetível. A temperatura foi medida diariamente em casa de vegetação ( $17,5^\circ\text{C}$  -  $28^\circ\text{C}$ ).

No estágio V2 – V3 (Fehr e Caviness, 1977), o caule principal das plantas foi

cortado horizontalmente. A inoculação foi realizada de acordo com Juliatti et al. (2014), pelo método da ponteira. Posteriormente, as plantas foram mantidas a  $22 \pm 2^\circ\text{C}$  em uma incubadora Demanda Bioquímica de Oxigênio (B.O.D) com fotoperíodo de 12 h. A severidade do desenvolvimento da doença foi avaliada dez dias após a inoculação, com base na proporção do comprimento da lesão do caule em comparação com o comprimento total do caule (ambos medidos com régua). Em seguida foi estimado a herdabilidade com base na equação a seguir:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \times 100$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_F^2 - \sigma_E^2$$

Em que:

$h^2$ : Herdabilidade;

$\sigma_G^2$ : Variância genética;

$\sigma_F^2$ : Variância fenotípica;

$\sigma_E^2$ : Variância Ambiental.

Os dados obtidos de resistência foram comparados pelo teste de Scott - Knott ( $p \leq 0,05$ ).

### 3. Resultados e discussão

#### 3.1. Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos soja safra 2018/2019

A existência de variabilidade genética na população em estudo é de fundamental importância pois, evidencia a possibilidade de realizar seleção de linhagens superiores (Val et al., 2017). Conforme mostrado na Tabela 3, os resultados revelaram a existência de variância genética entre as progênies da safra 2018/2019 para os caracteres avaliados ( $p \leq 0,01$  e  $p \leq 0,05$ ).

**Tabela 3.** Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação para os caracteres agrônômicos avaliados nos genótipos da safra 2018/2019, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agrônômicos	Progênie safra F <sub>3</sub> e RCs			
	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg/CVe	CV (%)
NDF	22,34**	66,91	0,82	5,71
NDM	87,66**	87,06	1,49	2,96
P100G	2,36*	26,81	0,35	11,32
PROD	4162554,45**	63,28	0,75	30,42

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para a maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). QMG: quadrado médio do genótipo; H<sup>2</sup>: herdabilidade (%); CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. \*\*e\*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente.

O coeficiente de variação (CV) é a medida estatística mais utilizada pelos pesquisadores na avaliação da precisão dos experimentos, pois indica o grau de precisão experimental. Quanto menor o CV, maior a homogeneidade dos dados, e menor a variação do acaso (Leite et al., 2015). Valores iguais ou abaixo de 20% para CV são considerados ideais (Gomes, 1985; Pimentel-Gomes, 2009). Os CVs deste trabalho apresentaram valores entre 2,96% e 30,42% para NDM e PROD, respectivamente (Tabela 3).

Os parâmetros genéticos são úteis nos programas de melhoramento, pois auxiliam o melhorista na tomada de decisão durante o processo seletivo. Entre estes, se destaca a herdabilidade, pois permite a predição do ganho de seleção. Conforme Cruz et al. (2016) estimativas superiores a 70% são consideradas elevadas. A herdabilidade (h<sup>2</sup>) para os caracteres agrônômicos da safra 2018/2019 variou de 26,81% a 87,06%. Os caracteres NDF (66,91%), NDM (87,06%) e PROD (63,28%) apresentaram estimativa médias e alta de h<sup>2</sup> (Tabela 3). Esses resultados indicam que a maior parte da variância fenotípica desses caracteres agrônômicos é geneticamente controlada. De acordo com os resultados, vários estudos descreveram alta h<sup>2</sup> para os mesmos caracteres aqui estudados (Volpato et al., 2019; Leite et al., 2016; Zhang et al., 2015). Já o caráter P100G (26,81%) apresentou uma estimativa baixa de h<sup>2</sup>, indicando que a maior parte da variância fenotípica é ambientalmente controlada. No entanto, isso não deve inferir que os componentes genéticos são necessariamente desprezíveis.

Os potenciais dos genótipos para fins de seleção são avaliados pelas suas médias, o que permite analisar se eles apresentam os valores fenotípicos almejados durante o melhoramento genético. Na Tabela 4 estão expressas as médias dos genótipos analisados, na qual se verificou que o agrupamento de Scott-Knott permitiu a formação de um a três grupos.

**Tabela 4.** Agrupamento de médias dos caracteres agronômicos avaliados na safra 2018/2019 de genótipos oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Genótipos	Média dos parentais e amplitude das médias das progênes			
	NDF	NDM	PROD	P100G
EMGOPA 316	48,45a	112,22c	5122,39b	11,41a
MG/BR46 (Conquista)	50,54a	113,25c	3522,50c	11,16a
A100P2	52,00a	115,33c	3342,34c	11,19a
A101P1	45,00b	109,00c	4696,87b	12,03a
A101P2	44,67b	112,33c	4489,78b	12,32a
A102P1	53,00a	118,67c	7310,19a	12,33a
A104P2	47,33b	110,00c	3884,24c	11,33a
A105P1	50,33a	114,33c	2358,42c	11,70a
A106P1	44,00b	109,33c	3900,52c	11,39a
A106P2	51,33a	115,67c	3389,91c	12,17a
A107P1	45,00b	108,33c	5668,01b	11,51a
A108P2	47,00b	111,00c	6411,07a	11,27a
A10P1	52,00a	113,67c	2567,31c	11,05a
A110P1	47,00b	112,00c	4016,38c	10,78a
A111P1	46,00b	111,33c	2693,74c	10,40a
A112P1	45,67b	111,33c	7192,35a	11,62a
A113P3	43,67b	109,67c	4235,03c	11,31a
A114P1	46,33b	109,00c	4833,78b	12,66a
A115P1	49,33a	112,67c	3545,19c	12,44a
A117P1	46,67b	111,33c	4339,00c	12,64a
A119P1	44,67b	105,00c	5146,01b	13,23a
A11P1	49,33a	128,00a	3342,63c	11,09a
A120P2	45,00b	109,00c	4068,93c	9,91a
A123P2	50,67a	130,67 <sup>a</sup>	2268,58c	11,33a
A125P1	45,67b	109,67c	4003,38c	10,69a
A131P1	46,00b	109,00c	3336,61c	11,53a
A132P2	46,33b	113,67c	4675,25b	12,42a
A133P1	45,67b	109,00c	3963,80c	11,51a
A133P2	51,67a	113,00c	4415,35c	13,07a
A134P1	49,00a	111,67c	2281,86c	11,99a

A138P1	50,33a	111,67c	4173,49c	11,78a
A139P1	50,00a	111,33c	3991,68c	9,51a
A13P1	45,33b	111,00c	2636,09c	11,56a
A140P1	52,00a	116,33c	3641,79c	10,39a
A140P2	52,00a	113,33c	3310,88c	11,64a
A141P2	43,67b	108,33c	2936,56c	13,41a
A144P1	44,33b	111,33c	4634,94b	12,11a
A145P1	48,00a	113,67c	2626,58c	11,05a
A147P3	47,00b	113,00c	4607,97b	14,25a
A148P2	52,00a	110,33c	3312,81c	11,76a
A148P3	51,00a	115,67c	2851,76c	10,79a
A14P1	49,67a	112,33c	2794,08c	10,70a
A150P1	51,00a	112,33c	3351,67c	11,07a
A153P2	43,33b	109,33c	6331,45a	11,25a
A154P3	45,00b	111,33c	4542,18b	12,42a
A156P2	49,67a	130,00a	4029,85c	12,57a
A158P1	45,00b	109,33c	6087,09a	11,75a
A162P1	48,00a	127,33 <sup>a</sup>	4109,86c	11,28a
A162P3	47,33b	112,67c	2922,91c	10,57a
A16P3	46,67b	110,33c	3155,70c	12,14a
A17P1	45,67b	108,33c	4177,21c	10,96a
A19P1	43,00b	111,00c	2692,62c	11,53a
A21P1	43,33b	109,67c	4690,81b	12,73a
A22P2	47,00b	111,67c	2608,13c	10,91a
A23P1	46,67b	113,33c	6688,84a	10,83a
A24P1	45,67b	112,67c	3853,95c	12,29a
A25P1	47,67a	114,00c	3849,54c	12,28a
A25P2	49,67a	127,67 <sup>a</sup>	5376,58b	12,17a
A27P1	48,67a	130,33 <sup>a</sup>	3707,53c	11,68a
A28P1	41,33b	105,33c	4728,40b	12,55a
A29P1	53,33a	117,00c	4599,10b	11,41a
A29P2	51,00a	113,33c	3302,50c	11,92a
A32P1	48,33a	112,33c	3934,63c	12,58a
A33P1	47,67a	114,33c	2828,88c	9,96a
A36P1	51,67a	114,00c	2708,42c	10,59a
A41P1	43,67b	111,00c	2687,03c	11,43a
A42P1	50,33a	113,67c	3398,58c	10,37a
A44P1	48,00a	112,67c	2060,18c	12,24a
A45P1	44,67b	111,00c	5119,33b	10,66a
A48P1	49,33a	112,33c	4289,09c	11,33a
A49P2	51,00a	128,33 <sup>a</sup>	7169,90a	12,73a
A4P2	45,33b	108,00c	5071,77b	10,45a
A51P1	50,00a	113,67c	3159,59c	11,51a

A54P1	46,00b	112,67c	3660,52c	10,80a
A60P2	42,00b	104,67c	3537,41c	11,98a
A63P2	46,33b	112,67c	3679,71c	12,74a
A64P2	45,00b	111,33c	3833,60c	10,77a
A68P1	46,00b	110,67c	4253,89c	11,57a
A69P1	45,67b	110,00c	2914,65c	13,80a
A70P1	50,00a	114,00c	3917,95c	12,34a
A71P1	51,67a	131,00a	4556,47b	13,05a
A73P1	46,00b	111,67c	7092,25a	12,75a
A74P2	48,00a	125,00b	4607,36b	12,63a
A75P1	45,33b	108,33c	4103,73c	11,96a
A76P2	49,00a	125,33b	3071,27c	11,24a
A77P1	43,67b	108,33c	5260,92b	10,71a
A78P1	49,00a	113,33c	4166,82c	11,06a
A78P2	47,33b	112,33c	5381,16b	11,05a
A79P3	49,67a	128,67 <sup>a</sup>	4262,13c	12,05a
A80P1	51,33a	115,00c	2565,98c	11,12a
A80P2	51,67a	116,33c	3024,08c	11,10a
A82P1	50,67a	113,00c	3421,91c	12,11a
A83P2	48,00a	111,33c	4675,86b	10,80a
A84P1	50,33a	114,33c	4699,28b	12,25a
A85P1	50,00a	113,00c	2682,12c	11,59a
A85P2	44,67b	111,00c	3237,43c	10,69a
A86P1	48,33a	112,00c	5470,11b	11,98a
A87P1	43,67b	111,33c	3477,35c	12,17a
A87P2	46,00b	113,33c	4472,30b	10,60a
A88P1	48,33a	121,00b	3431,93c	11,84a
A88P2	47,33b	111,33c	6835,43a	10,81a
A89P1	49,67a	112,33c	5570,91b	10,60a
A90P2	48,33a	109,67c	3645,68c	12,35a
A91P1	51,33a	122,00b	4126,47c	12,95a
A93P1	48,67a	110,33c	5267,66b	9,83a
A95P1	50,67a	115,00c	4970,97b	11,72a
A96P1	45,00b	111,33c	3745,12c	9,85a
A97P1	48,67a	124,33b	5413,96b	11,71a
A98P1	45,67b	111,67c	3568,59c	10,40a
A98P2	50,67a	113,00c	3297,64c	11,26a
E11P1	48,00a	112,00c	2633,34c	13,5a
E11P1	47,67a	113,67c	2417,27c	11,15a
E11P2	43,00b	108,33c	3663,27c	9,89a
E1P1	46,67b	111,00c	2652,35c	13,02a
E2P1	48,33a	112,33c	2895,20c	11,37a
E6P1	41,33b	111,00c	6116,91a	12,75a



E6P1	45,67b	112,33c	3975,32c	11,47a
E7P1	47,33b	113,00c	3618,31c	10,57a
E9P1	49,33a	114,00c	3248,92c	12,12a
F11P1	43,33b	110,00c	3959,24c	12,39a
F24P3	47,67a	114,00c	3426,81c	11,72a
F3P1	49,33a	111,00c	3455,14c	11,19a
F4P1	46,00b	113,33c	5746,69b	11,80a
F7P1	47,00b	111,67c	6702,39a	12,79a
F8P1	48,00a	113,33c	4327,88c	11,90a

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ( $p \leq 0,05$ ).

Os caracteres de ciclo NDF e NDM, podem ser determinantes na produção de soja, bem como os caracteres P100G e PROD, pois o sojicultor exige plantas produtivas e que permitam um melhor planejamento das atividades de plantio e colheita (Cruz et al., 2010). Neste sentido, as cultivares de soja com alta produtividade e de ciclo precoce têm cada vez mais destaque no mercado, pois favorecem a prática da safrinha, além de menor gasto com defensivos ao longo do ciclo produtivo (Rocha et al., 2012; Gesteira et al., 2015).

Quanto ao ciclo vegetativo (NDF), os genótipos foram subdivididos em dois grupos, cujas médias tiveram amplitude de 41,33 e 53,33 dias. O primeiro grupo foi formado por 62 genótipos, ou seja, metade dos genótipos estudados, e apresentam média para NDF semelhante à dos parentais. O ciclo mais longo encontrado neste grupo foi de 53,33 dias (A29P1) e o menor 47,67 dias (A25P1, A33P1, E11P1 e F24P3), enquanto que os parentais EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista) apresentaram ciclo de 48,45 dias e 50,54 dias, respectivamente. Em contrapartida, o segundo grupo, formado pela outra metade, apresentou uma média de valor inferior aos parentais, com médias de ciclo entre 47,33 dias (A104P2, A162P3, A78P2, A88P2, E7P1) e 41,33 dias (A28P1, E6P1). Geralmente, é desejado plantas com valores de NDF mais tardios, pois assim permitem um melhor desenvolvimento vegetativo que, além de formar uma melhor estrutura reprodutiva, reflete em maiores produtividades (Yokomizo e Santos, 2018).

Para o caráter agrônômico NDM o agrupamento de médias de Scott-Knott evidenciou a formação de três grupos. O primeiro grupo foi formado por nove

genótipos com médias superiores aos parentais, que variaram de um valor mínimo de dias 127,33 (A162P1) a máximo de 131 dias (A71P1). Este grupo é o que apresenta os genótipos da geração F<sub>3</sub> com o ciclo mais tardio do estudo. O segundo grupo foi composto por três genótipos com valores de 124,33 dias (A97P1), 125 dias (A74P2) e 125,33 dias (A76P2). Já o terceiro grupo foi composto pela maioria dos genótipos estudados, 112 genótipos no total, e pelos parentais. Este grupo é o que apresentou os genótipos com o ciclo mais precoce. As médias variaram de 105 dias (A119P1) até 118,67 dias (A102P1).

Quanto ao P100G, houve a formação de apenas um grupo de médias. Embora o teste F tenha detectado existência de variância genética, mas isso é possível de ocorrer por se tratar de estatísticas distintas e que envolvem critérios diferentes. Não obstante, se constatou que os valores médios obtidos foram mais baixos, pois conforme Sedyama (2005) o peso médio de 100 grãos de soja pode variar de 12 gramas a 18 gramas.

No caráter PROD, foi possível identificar a formação e três grupos distintos. O primeiro grupo, foi composto pelos onze genótipos mais produtivos que apresentaram produção de 6087,09 kg ha<sup>-1</sup> (A158P1) até 7310,19 kg ha<sup>-1</sup> (A102P1). O segundo, formado por 28 genótipos e o parental EMGOPA 316 (5122,39 kg ha<sup>-1</sup>), variou de 4472,30 kg ha<sup>-1</sup> (A87P2) até 5746,69 kg ha<sup>-1</sup> (F4P1). O terceiro, composto pelo parental MG/BR46 (Conquista) (3522,50 kg ha<sup>-1</sup>) e 85 genótipos apresentou valores de médias de 2060,18 kg ha<sup>-1</sup> (A44P1) até 4415,35 kg ha<sup>-1</sup> (A133P2). Em relação a produtividade média da última safra brasileira (3.529 kg ha<sup>-1</sup>) e do Sudeste (3.741 529 kg ha<sup>-1</sup>) (CONAB, 2021), todos os genótipos avaliados no primeiro e segundo grupo apresentaram valores superiores de produção.

### **3.2. Seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos soja safra 2018/2019**

A decisão por uma estratégia de seleção que seja mais eficiente para os genótipos em estudo é uma das principais contribuições da genética quantitativa ao melhoramento genético. A seleção de caracteres quantitativos, que ocorre nos programas de melhoramento genético da soja, torna-se difícil quando realizada

somente a seleção direta. Por serem caracteres governados por muitos genes e alta influência ambiental, a seleção direta sempre implica em seleções indiretas e a resposta da seleção varia de acordo com o ambiente e a condução do experimento (Cruz, 2012).

Na Tabela 5, estão apresentadas as predições de ganho de seleção quando praticada a seleção direta para cada caráter. A seleção foi realizada tendo como objetivo o decréscimo para os caracteres relacionados ao ciclo, NDF e NDM e acréscimo ao P100G e PROD, assim foram obtidos ganhos diretos negativos e positivos a depender do objetivo. Segundo Lopes et al. (2002) existem dificuldades em selecionar genótipos que aliem precocidade e alta produtividade de grãos. O maior valor de ganho de seleção direta foi observado no caráter PROD (23,23%) e o menor valor obtido foi para o caráter NDF (-4,58%).

A seleção direta dos caracteres relacionados ao ciclo vegetativo e total, NDF e NDM, mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo. Foram observados ganhos de seleção de -4,58% para NDF e -3,26% para NDM (Tabela 5). Além disso, ao praticar a seleção direta para genótipos com menor ciclo vegetativo e total, foi constatado ganho de seleção indireta positiva para P100G (0,6% e 0,03%) e PROD (3,72% e 1,73%) (Tabela 5). Pereira et al. (2017), avaliando progênies em avanço de geração pelo método Bulk, também observaram que ao praticar a seleção direta para genótipos mais precoces houve uma seleção indireta com aumento da produtividade de grãos.

**Tabela 5.** Estimativas do ganho de seleção obtidos após a seleção direta e indireta realizada nos genótipos da safra 2018/2019, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Caracteres agronômicos			
	NDF	NDM	P100G	PROD
NDF	<b>-4,58</b>	-3,43	-0,45	-1,02
NDM	-2,93	<b>-3,26</b>	0,59	-0,44
P100G	0,60	0,03	<b>2,48</b>	0,47
PROD	3,72	1,73	5,38	<b>23,23</b>
Total	-3,19	-4,93	8,0	22,24

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Valores em negrito na diagonal correspondem ao ganho de seleção direta, e nas demais células os ganhos de seleção indireta.

Para os caracteres agronômicos relacionados a produtividade, P100G (2,48%) e PROD (23,23%), a seleção direta indica a possibilidade de selecionar genótipos com aumento para produtividade. Ademais, ao aplicar seleção direta para PROD é possível selecionar indiretamente genótipos com menores ciclos para NDF (-1,02%) e NDM (-0,44%) (Tabela 5).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978) e o índice da distância genótipo-ideótipo estão apresentados na Tabela 6. De modo geral o índice da soma de “ranks” apresentou melhor ganho de seleção total e proporcionou os melhores ganhos de seleção para os caracteres de ciclo e produtividade de grãos (Tabela 6). Bizari et al. (2017), avaliando a seleção de progênies em gerações iniciais também observaram que os ganhos de seleção obtidos pelo índice na soma de ranks foram superiores aos demais métodos empregados. Os valores oscilaram entre 14,12 e 34,45% para produtividade de grãos, valores estes superiores aos encontrados no presente estudo.

A seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores para os caracteres NDF e NDM, em relação à utilização dos índices de seleção (Tabela 5 e 6). Todavia, as estimativas de ganhos obtidos em ambos os índices de seleção para os caracteres estudados foram muito próximas às encontradas na seleção direta. Além de disso, os índices de seleção apresentaram de forma equilibrada os ganhos de seleção nos caracteres de interesse. Visto isso, a seleção dos genótipos superiores pode ser baseada em ambos os índices de seleção.

**Tabela 6.** Estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção pelos índices de seleção baseado na soma de *ranks* e na distância genótipo-ideótipo, realizada nos genótipos da safra 2018/2019, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Ganho de seleção (%)	
	Baseado na soma de <i>ranks</i>	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-3,65	-3,38
NDM	-2,76	-2,45
P100G	1,10	1,73
PROD	12,32	8,09
Total	7,01	3,99

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

**Tabela 7.** Genótipos superiores selecionados para produtividade na safra 2018/2019 pela seleção direta, índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock e índice da distância genótipo-ideótipo.

Seleção direta		Índice de Mulamba e Mock (1978)		Índice da distância genótipo-ideótipo	
Genótipos selecionados		Genótipos selecionados		Genótipos selecionados	
A101P1	A49P2	A101P1	A17P1	A101P1	A21P1
A102P1	A4P2	A101P2	A21P1	A101P2	A24P1
A107P1	A73P1	A106P1	A28P1	A106P1	A28P1
A108P2	A74P2	A107P1	A45P1	A107P1	A32P1
A112P1	A77P1	A108P2	A4P2	A112P1	A60P2
A114P1	A78P2	A112P1	A60P2	A113P3	A63P2
A119P1	A83P2	A113P3	A68P1	A114P1	A68P1
A132P2	A84P1	A114P1	A69P1	A117P1	A69P1
A144P1	A86P1	A117P1	A73P1	A119P1	A73P1
A147P3	A88P2	A119P1	A75P1	A132P2	A75P1
A153P2	A89P1	A132P2	A77P1	A133P1	A86P1
A158P1	A93P1	A133P1	A86P1	A141P2	A87P1
A21P1	A95P1	A141P2	A87P1	A144P1	E11P1
A23P1	A97P1	A144P1	A90P2	A147P3	E1P1
A25P2	E6P1	A147P3	E6P1	A153P2	E6P1
A28P1	F4P1	A153P2	F11P1	A154P3	F11P1
A29P1	F7P1	A154P3	F4P1	A158P1	F4P1
A45P1	F8P1	A158P1	F7P1	A16P3	F7P1

Na Tabela 7 constam os genótipos selecionados, com intensidade de 30%, para o caráter produtividade (PROD) em cada uma das estratégias de seleção adotadas nesse trabalho. Dez linhagens foram selecionadas em todos os métodos utilizados (A101P1, A114P1, A119P1, A144P1, A153P2, A158P1, A21P1, A73P1, E6P1 e F7P1) confirmando a superioridade desses genótipos, inclusive sobre as testemunhas do experimento (Tabela 7). Desse modo, como a alta produtividade de grãos é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético, os 36 genótipos selecionados da safra 2018/2019 mais produtivos foram semeados na safra 2019/2020.

### 3.3. Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos soja safra 2019/2020

Através da análise de variância nos genótipos da safra 2019/2020, foi possível detectar a existência de variância genética para quase todos os caracteres avaliados ( $p \leq 0,01$  e  $p \leq 0,05$ ), com exceção do caráter NNF (Tabela 8). Barros et al. (2016) estimaram parâmetros genéticos e eficiência de seleção em onze progênies de soja. Também verificaram a presença de variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados.

**Tabela 8.** Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação para os caracteres agrônômicos nos genótipos da safra 2019/2020, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agrônômicos	Progênies safra F <sub>4</sub> e RCs			
	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg/CVe	CV (%)
NDF	13,88*	46,79	0,54	6,17
NDM	12,17*	36,72	0,43	2,37
NNF	1,04 <sup>ns</sup>	-	-	14,97
NNM	12,40**	69,71	0,87	14,29
APF	31,19*	38,15	0,45	13,12
APM	463,99**	53,57	0,62	20,97
NV	455,09**	59,04	0,69	20,80
P100G	3,08*	39,25	0,46	11,89
PROD	3985785,98**	82,02	1,23	29,26

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; NV: número de vagens totais; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ). H<sup>2</sup>: herdabilidade (%); CVg/CVe:

razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. \*\*e\*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; <sup>ns</sup>: não significativo para o teste F.

O coeficiente de variação oscilou entre 2,37% e 29,26% observados nos caracteres NDM e PROD, respectivamente (Tabela 8). Esta variação no CV ocorreu tal como na análise de variância da safra 2019/2020 (Tabela 3). Os valores de CV obtidos têm sido comumente observados para a soja, indicando que a precisão experimental foi adequada em relação às causas de variação de ordem sistemática dos ambientes experimentais.

A  $h^2$  para os caracteres agronômicos da safra 2019/2020 variou de 0 a 82,02%. Praticamente todos os caracteres agronômicos avaliados apresentaram um valor médio à alto de  $h^2$ , com exceção de NNF (Tabela 3). Sendo assim, a maior parte da variância fenotípica desses caracteres agronômicos é geneticamente controlada. Esses resultados corroboram com vários outros estudos que descreveram um valor médio a alto de  $h^2$  para os mesmos caracteres aqui estudados (Barros et al., 2016; Teixeira et al., 2017).

As médias dos caracteres agronômicos na safra 2019/2020 foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (Tabela 9), ao qual permitiu a formação de um a três grupos.

**Tabela 9.** Agrupamento de médias dos caracteres agronômicos avaliados nos genótipos da safra 2019/2020, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Genótipos	Média dos parentais e amplitude das médias das progênie								
	NDF	NDM	NNF	APF	NNM	APM	NV	P100G	PROD
EMGOPA 316	42,67a	116,67a	8,33 <sup>a</sup>	29,89a	10,33b	70,00a	66,67a	10,85a	3237,44c
MG/BR46 (Conquista)	42,00a	117,33a	8,33 <sup>a</sup>	32,89a	11,33b	63,00b	52,33b	10,66a	2461,74c
<b>A101P1</b>	42,67a	117,67a	8,67 <sup>a</sup>	32,33a	13,33b	71,78a	49,33b	13,75a	<b>2580,49c</b>
<b>A108P2</b>	42,33a	115,00a	10,00a	36,45a	13,00b	70,56a	85,00a	11,53a	<b>2458,47c</b>
A113P3	46,00a	119,33a	9,33 <sup>a</sup>	33,22a	13,33b	83,00a	79,33a	9,36a	1941,87c
<b>A114P1</b>	42,67a	115,67a	9,33 <sup>a</sup>	40,45a	16,67a	78,11a	64,33b	12,70a	<b>5215,45b</b>
<b>A119P1</b>	41,67a	112,00a	9,67 <sup>a</sup>	35,45a	11,67b	72,00a	68,00a	11,50a	<b>3488,27c</b>
A13P1	43,33a	117,67a	9,00a	32,44a	13,67b	48,89b	48,67b	9,25a	1827,13c
A141P2	45,33a	117,00a	9,33 <sup>a</sup>	37,00a	11,67b	85,00a	71,67a	11,27a	2002,52c
<b>A144P1</b>	43,67a	117,67a	9,00a	35,78a	15,00a	78,00a	80,00a	11,62a	<b>3210,31c</b>
A148P2	46,33a	119,00a	8,67 <sup>a</sup>	32,44a	10,00b	76,33a	66,33a	10,83a	2158,89c
<b>A153P2</b>	44,67a	115,33a	9,00a	28,11a	11,00b	64,00b	47,00b	13,67a	<b>4694,52b</b>

<b>A158P1</b>	41,33a	114,33a	9,33 <sup>a</sup>	34,22a	11,33b	75,44a	63,00b	12,43a	<b>3015,78c</b>
A17P1	43,00a	116,33a	10,67a	33,67a	14,33b	53,44b	61,33b	10,90a	1988,44c
A19P1	43,67a	113,33a	8,67a	33,22a	12,00b	76,56a	69,67a	12,90a	2154,02c
<b>A21P1</b>	43,33a	118,00a	8,67a	31,22a	12,33b	56,78b	78,00a	11,50a	<b>6656,30a</b>
<b>A32P1</b>	52,00a	121,33a	8,67a	31,74a	14,33b	68,00b	77,00a	11,37a	<b>2607,81c</b>
<b>A68P1</b>	42,00a	117,00a	9,67a	36,33a	15,67a	70,78a	57,67b	12,07a	<b>2721,52c</b>
A69P1	46,00a	117,33a	10,00a	38,13a	13,67b	91,78a	69,00a	11,17a	1910,22c
A73P1	46,33a	119,33a	9,00a	27,56a	16,00a	67,78b	85,67a	10,80a	2394,00c
<b>A75P1</b>	44,33a	117,33a	8,67a	33,22a	11,67b	86,89a	70,67a	12,53a	<b>2854,12c</b>
<b>A78P2</b>	43,67a	113,33a	10,00a	35,00a	13,00b	45,67b	58,67b	12,20a	<b>2868,15c</b>
A80P2	43,00a	114,33a	8,33a	30,55a	16,00a	59,56b	45,33b	12,27a	2349,70c
<b>A90P2</b>	44,33a	119,00a	9,00a	38,33a	15,00a	76,34a	67,00a	12,93a	<b>4029,38b</b>
<b>A96P1</b>	42,67a	116,00a	9,00a	33,67a	15,33a	71,44a	80,67a	11,95a	<b>4298,46b</b>
<b>E11P1</b>	43,33a	117,33a	10,00a	36,78a	17,67a	60,55b	62,33b	11,59a	<b>3307,29c</b>
<b>E11P2</b>	48,33a	116,33a	9,33a	33,78a	12,33b	94,33a	73,33a	11,59a	<b>2885,64c</b>
<b>E1P1</b>	44,33a	119,00a	8,00a	33,33a	15,00a	81,89a	80,67a	11,87a	<b>2727,04c</b>
<b>E2P1</b>	42,33a	117,00a	8,67a	31,45a	13,33b	66,44b	63,33b	11,19a	<b>2956,04c</b>
<b>E6P1</b>	41,00a	113,67a	8,67a	26,45a	10,67b	54,44b	59,67b	9,90a	<b>5713,70a</b>
E7P1	44,67a	118,67a	9,00a	32,22a	16,67a	97,33a	91,33a	10,73a	1202,32c
<b>E9P1</b>	44,00a	118,00a	9,33a	37,89a	16,67a	75,44a	64,67b	12,57a	<b>2258,42c</b>
F11P1	45,00a	119,00a	8,00a	28,11a	12,67b	59,22b	43,33b	10,60a	1925,17c
F24P3	40,67a	113,67a	9,00a	33,44a	13,33b	52,33b	45,67b	10,92a	2208,14c
F3P1	45,00a	117,00a	9,00a	31,78a	13,00b	59,00b	56,67b	11,05a	1840,77c
F7P1	46,00a	117,33a	9,67a	38,67a	12,67b	65,78b	64,67b	10,74a	1861,80c
F8P1	42,67a	117,33a	8,67a	30,72a	17,00a	73,39a	73,00a	11,86a	3514,90c
F8P2	45,33a	117,33a	9,00a	34,01a	12,33b	57,59b	52,33b	10,83a	2359,12c

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; NNF: número de nós no florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NV: número de vagens totais; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ao nível de 5 e 10% de significância. Negrito: Genótipos mais produtivos.

Contudo, para os caracteres NDF, NDM, NNF, APF e P100G não houve formação de grupos de médias. Visto isso, embora o teste F tenha detectado existência de variância genética, com exceção de NNF, é possível ocorrer por se tratar de estatísticas distintas e que envolvem critérios diferentes.

O caráter NNM afeta positivamente a produtividade pois, está relacionado ao favorecimento do surgimento de um número maior de gemas que darão origem a nós produtivos (Torres et al., 2015). Considerando o caráter NNM, ocorreu a formação de dois grupos. O primeiro grupo, é composto pelos 12 genótipos com maior número de nós, e apresentou valores entre 15,00 nós (A144P1) a 17,67 nós



(E11P1). Este grupo apresentou valores superiores a seus parentais. Já o segundo grupo, formado por 24 genótipos e os parentais EMGOPA 316 (10,33 nós) e MG/BR 46 (Conquista) (11,33 nós), apresentou um menor número de nós. O número de nós neste segundo grupo ficou entre 10,00 nós (A148P2) a 14,33 nós (A32P1 e A17P1).

O caráter NV é um componente importante por apresentar uma correlação genética positiva e elevada com a produtividade de grãos e pode ser influenciado pelo aumento no número de nós (Leite et al., 2016). Para o caráter NV, também ocorreu a formação de dois grupos. O primeiro grupo, é composto por 18 genótipos e o parental EMGOPA 316 (66,67 vagens). O menor valor obtido foi 66,33 vagens (A148P2) e maior 91,33 vagens (E7P1). No segundo grupo, que engloba 18 genótipos e o parental MG/BR 46 (Conquista) (52,33 vagens), foi observado valores entre 43,33 vagens (F11P1) a 64,67 vagens (F7P1). Segundo Matsuo et al. (2015), as sojas brasileiras apresentam um máximo de 80 vagens para cada planta. Os resultados obtidos no presente trabalho mostram que algumas linhagens como A108P2 (85,00 vagens), A73P1 (85,67 vagens), A96P1 (80,67 vagens), E1P1 (80,67 vagens) e E7P1 (91,33 vagens) superaram o máximo de 80 vagens por planta descrito na literatura (Matsuo et al., 2015).

Analisando o caráter PROD, houve a formação de três grupos. O primeiro grupo foi o que apresentou maior produtividade entre os genótipos e em comparação aos parentais, sendo este formado pelos dois genótipos E6P1 (5713,70 kg ha<sup>-1</sup>) A21P1 (6656,30 kg ha<sup>-1</sup>). O segundo grupo, composto por quatro genótipos, obtiveram os valores intermediários de produtividade, dos quais variam de 4029,38 kg ha<sup>-1</sup> (A90P2) até 5215,45 kg ha<sup>-1</sup> (A114P1). Este segundo grupo também se apresentou mais produtivo em comparação aos parentais. O terceiro grupo, onde os parentais EMGOPA 316 (3237,44 kg ha<sup>-1</sup>) e MG/BR 46 (Conquista) (2461,74 kg ha<sup>-1</sup>) estão presentes com outros 30 genótipos, apresentaram os menores valores de produtividade. Os valores ficaram entre 1202,32 kg ha<sup>-1</sup> (E7P1) e 3514,90 kg ha<sup>-1</sup> (F8P1). Como também foi observado na safra 2018/2019, vários dos genótipos em estudo da safra 2019/2020 apresentaram valores superiores de produção em comparação a produtividade média da última safra brasileira (3.529

kg ha<sup>-1</sup>) e do Sudeste (3.741 529 kg ha<sup>-1</sup>) (CONAB, 2021). Isso demonstra a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores para PROD.

### 3.4. Seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos soja safra 2019/2020

A partir das estimativas dos parâmetros genéticos da safra 2019/2020 foi verificada a possibilidade de sucesso na seleção 55% dos genótipos superiores com base nos caracteres agronômicos estudados. Assim, se praticou a seleção direta, e se estimou o ganho de seleção obtido na população de selecionados (Tabela 10).

**Tabela 10.** Estimativas do ganho de seleção obtidos após a seleção direta e indireta realizada nos genótipos da safra 2019/2020, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Caracteres agronômicos								
	NDF	NDM	NNF	APF	NNM	APM	NV	P100S	PROD
NDF	<b>-1,53</b>	-0,78	0,08	-0,26	-0,09	-0,11	0,85	-0,16	-0,41
NDM	-0,33	<b>-0,41</b>	-0,05	-0,19	0,17	0,01	0,18	-0,12	-0,06
NNF	0,0	0,0	<b>0,0</b>	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
APF	-0,3	0,12	1,75	<b>2,49</b>	0,74	1,37	0,6	0,85	-0,1
NNM	0,59	-3,25	2,87	1,32	<b>7,45</b>	0,67	0,23	2,79	-0,15
APM	-3,65	-0,31	2,05	1,84	1,0	<b>6,82</b>	5,44	1,39	0,36
NV	-1,94	-2,07	2,8	1,39	2,29	4,86	<b>7,9</b>	1,6	0,63
P100G	0,29	0,57	0,13	0,99	0,11	1,02	-0,04	<b>2,38</b>	1,3
PROD	10,14	3,51	-1,55	-1,22	-4,08	-1,16	-1,18	12,39	<b>19,34</b>
Total	3,54	-2,62	8,08	6,32	7,59	13,48	14,01	21,12	20,91

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; NNF: número de nós no florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NV: número de vagens totais; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Valores em negrito na diagonal correspondem ao ganho de seleção direta, e nas demais células os ganhos de seleção indireta.

O principal caráter que é foco da seleção no presente trabalho é o PROD. Observando a Tabela 10, os maiores ganhos diretos foram obtidos para os caracteres PROD, com ganho positivo de 19,34%, e para NDF e NDM com valores negativos de 1,53% e 0,41 %, respectivamente. Portanto, a seleção direta mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo e aumento de produtividade. Além disso, ao praticar seleção direta para o caráter NDM, visando obter plantas com ciclo mais precoce, é possível observar de seleção

indireta positiva para PROD (3,51%) e P100G (0,57%) (Tabela 10). Bizari et al. (2017) verificaram maiores ganhos na seleção direta para PROD com 5,54% e 34,58%, respectivamente, em relação a outros caracteres, o que corrobora com os resultados obtidos neste estudo.

Para NNM (7,45%), NV (7,9%), P100G (2,38%) e PROD (19,34%), caracteres agronômicos relacionados a produtividade, a seleção direta indica a possibilidade de selecionar genótipos com aumento para produtividade. Além disso, ao aplicar a seleção direta para PROD é possível selecionar genótipos com menores ciclos para NDF (-0,41%) e NDM (-0,06%) (Tabela 10).

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou melhor ganho de seleção total (16,3%) se comparado ao índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) (13,87%). Além disso, o índice da distância genótipo-ideótipo proporcionou ganho de seleção melhor para o caráter PROD. Para os outros caracteres, os valores de ganho de seleção em ambos os índices foram semelhantes (Tabela 11).

**Tabela 11.** Estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção pelos índices de seleção baseado na soma de *ranks* e na distância genótipo-ideótipo, nos genótipos da safra 2019/2020, oriundos do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Ganho de seleção (%)	
	Baseado na soma de <i>ranks</i>	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-0.48	-0.72
NDM	-0.17	-0.16
NNF	0.0	0.0
APF	1.69	1.63
NNM	3.04	3.28
APM	3.38	1.34
NV	1.69	2.4
P100G	1.91	1.43
PROD	2.81	7.1
Total	13.87	16.3

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; NNF: número de nós no florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NV: número de vagens totais; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

Comparando os ganhos de seleção direta com os valores obtidos pelos índices de seleção para os todos os caracteres agronômicos estudados, a seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores em relação à utilização dos índices

de seleção (Tabela 10 e 11). As estimativas de ganhos obtidos em ambos os índices de seleção para os caracteres NNM, APM, NV, PROD foram inferiores às encontradas na seleção direta. Porém, os índices de seleção apresentaram ganhos de seleção satisfatórios para os caracteres relacionados ao ciclo e produtividade. Visto isso, a seleção dos genótipos superiores pode ser baseada em ambos os índices de seleção.

Os métodos de seleção permitem avaliar o comportamento dos genótipos para os diferentes caracteres estudados. Considerando a seleção realizada com intensidade de 55% para PROD, os genótipos selecionados se encontram na Tabela 12. Os genótipos que se encontram nas três estratégias de seleção foram: A114P1, A119P1, A144P1, A158P1, A68P1, A75P1, A78P2, E11P1, E1P1, E2P1 e F8P1. Estes genótipos foram superiores para PROD, e superiores a produção dos parentais EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista).

**Tabela 12.** Genótipos superiores selecionados para produtividade na safra 2019/2020 pela seleção direta, índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock e índice da distância genótipo-ideótipo.

Seleção direta		Índice de Mulamba e Mock (1978)		Índice da distância genótipo-ideótipo	
Genótipos selecionados		Genótipos selecionados		Genótipos selecionados	
A101P1	A73P1	A101P1	A75P1	A108P2	A69P1
A108P2	A75P1	A108P2	A78P2	A114P1	A75P1
A114P1	A78P2	A114P1	A80P2	A119P1	A78P2
A119P1	EMGOPA 316	A119P1	A90P2	A141P2	A80P2
A144P1	MG/BR46 (Conquista)	A141P2	A96P1	A144P1	A90P2
A153P2	E11P1	A144P1	E11P1	A158P1	A96P1
A158P1	E11P2	A158P1	E11P2	A17P1	E11P1
A21P1	E1P1	A19P1	E1P1	A19P1	E1P1
A32P1	E2P1	A68P1	E2P1	A21P1	E2P1
A68P1	E6P1	A69P1	E9P1	A68P1	E9P1
	F8P1		F8P1		F8P1

### 3.5. Análise conjunta dos parâmetros genéticos e desempenho fenotípico de genótipos de soja safra 2018/2019 e 2019/2020.

A análise de variância feita conjuntamente é mais arrojada em razão do maior número de graus de liberdade para o resíduo, além de permitir testar interações entre fontes de variação e contrastes de interesse do melhoramento genético (Maia et al., 2009). Com a finalidade de detectar efeitos mais significativos nas duas safras, em comparação com as análises individuais de variâncias, foi realizado uma análise conjunta dos dados para as diferentes safras (Tabela 13).

**Tabela 13.** Análise de variância conjunta para os caracteres agronômicos avaliados nos genótipos das safras 2018/2019 e 2019/2020, oriundos dos parentais EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

FV	QMG				
	GL	NDF	NDM	P100G	PROD
Blocos/AMB	4	68,49	22,89	1,37	661284,90
Genótipos	37	18,32**	13,07*	2,80 <sup>ns</sup>	4952444,42**
Ambientes	1	308,70 <sup>ns</sup>	1985,59**	8,33 <sup>ns</sup>	98093977,31**
GenótipoxAmbiente	37	13,99*	11,94*	2,84 <sup>ns</sup>	3618112,65**
Resíduo	148	9,27	7,88	2,13	1444850,84
Total	227				
Média geral		45,14	113,87	11,7	3547,64
CV(%)		6,74	2,47	12,47	33,88
H <sup>2</sup> (%)		49,39	39,71	24,06	70,82
CVg/CVe		0,40	0,33	0,23	0,64

FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). QMG: quadrado médio do genótipo; H<sup>2</sup>: coeficiente de determinação genotípico (%); CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. \*\*e\*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; <sup>ns</sup>: não significativo para o teste F.

Na Tabela 13, se pode observar que houve efeito significativo (p≤0,01) para ambiente nos caracteres NDM e PROD, caracterizando a influência nestes e indicando diferença entre os ambientes de avaliação. Contudo, para os caracteres NDF e P100G, não houve efeito significativo. Também foi detectado efeito significativo para genótipo em relação a todos os caracteres, com exceção de P100G, indicando que pelo menos um genótipo difere dos demais. Considerando a interação dos genótipos com os ambientes, todos os caracteres, com exceção de P100G, apresentam comportamento diferente em função do ambiente (Tabela 13).

A existência de variabilidade genética entre linhagens foi constatada tanto nas análises individuais (Tabelas 3 e 8) quanto na análise conjunta (Tabela 13). Este fato comprova a existência de variabilidade entre os genótipos desta população, a qual poderá ser explorada em futuros ciclos de seleção. Além disso, esta variabilidade evidencia que a população estudada ainda não está homogênea, ou seja, ainda está segregando.

Na análise conjunta os CVs variaram de 2,47% (NDM) a 33,88% (PROD). Os CVs obtidos atestaram boa precisão no controle das causas de variação de ordem sistemática dos ambientes experimentais, exceto para PROD, uma vez que a maioria deles esteve abaixo de 20%. Contudo, valores de CVs altos também foram observados nas análises individuais, onde PROD teve como valores de CV em F<sub>3</sub> de 30,42% e em F<sub>4</sub> de 29,26%. Resultado coerente com o esperado para dados de produtividade de grãos, pois se trata de caráter quantitativo.

A h<sup>2</sup> para os caracteres agrônômicos na análise conjunta variou de 24,06% a 70,82%. Tal como nas análises individuais, quase todos os caracteres agrônômicos avaliados apresentaram um valor médio a alto de h<sup>2</sup>, com exceção de P100G (Tabela 13). Portanto, a maior parte da variância fenotípica desses caracteres agrônômicos é geneticamente controlada.

As médias dos caracteres agrônômicos da análise conjunta foram agrupadas pelo teste de Tukey (p≤0,05), ao qual permitiu a formação de até dois grupos (Tabela 14). Onde, as médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal não diferem estatisticamente entre si.

**Tabela 14.** Agrupamento de médias da análise conjunta dos caracteres agrônômicos avaliados nos genótipos das safras 2018/2019 (S1) e 2019/2020 (S2), oriundos dos parentais EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Genótipos	Média dos parentais e amplitude das médias das progênes das Safras 2018/2019 e 2019/2020							
	NDF		NDM		P100G		PROD	
	S1	S2	S1	S2	S1	S2	S1	S2
A101P1	45.00A	42.67A	109.00B	117.67A	12.03A	13.75A	4696.87A	2580.49B
A108P2	47.00A	42.33A	111.00A	115.00A	11.27A	11.53A	6411.07A	2458.47B
A113P3	43.67A	46.00A	109.67B	119.33A	11.31A	9.36A	4235.03A	1941.87B
A114P1	46.33A	42.67A	109.00B	115.67A	12.66A	12.70A	4833.78A	5215.45A

A119P1	44.67A	41.67A	105.00B	112.00A	13.23A	11.50A	5146.01A	3488.27A
A13P1	45.33A	43.33A	111.00B	117.67A	11.56A	9.25A	2636.09A	1827.13A
A141P2	43.67A	45.33A	108.33B	117.00A	13.41A	11.27A	2936.56A	2002.52A
A144P1	44.33A	43.67A	111.33B	117.67A	12.11A	11.62A	4634.94A	3210.31A
A148P2	52.00A	46.33B	110.33B	119.00A	11.76A	10.83A	3312.81A	2158.89A
A153P2	43.33A	44.67A	109.33B	115.33A	11.25B	13.67A	6331.45A	4694.52A
A158P1	45.00A	41.33A	109.33B	114.33A	11.75A	12.43A	6087.09A	3015.78B
A17P1	45.67A	43.00A	108.33B	116.33A	10.96A	10.90A	4177.21A	1988.45B
A19P1	43.00A	43.67A	111.00A	113.33A	11.53A	12.90A	2692.62A	2154.02A
A21P1	43.33A	43.33A	109.67B	118.00A	12.73A	11.50A	4690.81B	6656.30A
A32P1	48.33A	52.00A	112.33B	121.33A	12.58A	11.37A	3934.63A	2607.81A
A68P1	46.00A	42.00A	110.67B	117.00A	11.57A	12.07A	4253.89A	2721.52A
A69P1	45.67A	46.00A	110.00B	117.33A	13.80A	11.17B	2914.65A	1910.22A
A73P1	46.00A	46.33A	111.67B	119.33A	12.75A	10.80A	7092.25A	2394.00B
A75P1	45.33A	44.33A	108.33B	117.33A	11.96A	12.53A	4103.73A	2854.12A
A78P2	47.33A	43.67A	112.33A	113.33A	11.05A	12.20A	5381.16A	2868.15B
A80P2	51.67A	43.00A	116.33B	114.33A	11.10A	12.27A	3024.08A	2349.70A
A90P2	48.33A	44.33A	109.67B	119.00A	12.35A	12.93A	3645.68A	4029.38A
A96P1	45.00A	42.67A	111.33B	116.00A	9.85A	11.95A	3745.12A	4298.46A
E11P1	48.00A	42.67B	112.00B	116.67A	13.50A	10.85B	2633.34A	3237.45A
E11P2	43.00A	42.00A	108.33B	117.33A	9.89A	10.66A	3663.27A	2461.74A
E1P1	46.67A	43.33A	111.00B	117.33A	13.02A	11.59A	2652.35A	3307.29A
E2P1	48.33A	48.33A	112.33A	116.33A	11.37A	11.59A	2895.20A	2885.64A
E6P1	41.33A	44.33A	111.00B	119.00A	12.75A	11.87A	6116.91A	2727.05B
E7P1	47.33A	42.33B	113.00A	117.00A	10.56A	11.19A	3618.31A	2956.05A
E9P1	49.33A	41.00B	114.00A	113.67A	12.12A	9.90A	3248.92B	5713.70A
F11P1	43.33A	44.67A	110.00B	118.67A	12.39A	10.73A	3959.24A	1202.32
F24P3	47.67A	44.00A	114.00B	118.00A	11.72A	12.57A	3426.81A	2258.42A
F3P1	49.33A	45.00A	111.00B	119.00A	11.20A	10.60A	3455.14A	1925.17A
F7P1	47.00A	40.67B	111.67A	113.67A	12.79A	10.92A	6702.39A	2208.14B
F8P1	48.00A	45.00A	113.33A	117.00A	11.90A	11.05A	4327.88A	1840.78B
F8P2	45.33A	46.00A	112.67B	117.33A	11.57A	10.74A	3473.43A	1861.80A
EMGOPA 316	48.45A	42.56B	112.22B	117.44A	11.41A	11.86A	5122.39A	3514.90A
MG/BR46 (Conquista)	50.54A	45.00B	113.25A	117.31A	11.16A	10.83A	3522.50A	2359.12A

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). S1: Safra 2018/2019; S2: Safra 2019/2020. Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL não diferem estatisticamente entre si pelo teste Tukey (p ≤ 0,05).

As médias de cada genótipo nas safras para os caracteres relacionados ao ciclo (NDF e NDM) estão na tabela 14. Para NDF ocorreu a formação de dois grupos, onde os genótipos tiveram valores de NDF iguais estatisticamente nas duas gerações. Contudo, os genótipos A148P2, A80P2, E11P2, E7P1, E9P1, F7P1 e os

parentais EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista), apresentaram redução nos valores de NDF na safra 2019/2020. Portanto, se pode observar que ocorreu influência ambiental no fenótipo por eles expresso. Já para o caráter NDM, os genótipos apresentaram valor estatisticamente superior na safra 2019/2020 (Tabela 14). Somente os valores de NDF nos genótipos A108P2, A19P1, A78P2, A80P2, E2P1, E7P1, E9P1, F24P3, F7P1, F8P1 e o parental MG/BR46 (Conquista) apresentaram valores semelhantes em ambas as gerações.

Os valores de médias para os caracteres relacionados a produção na análise conjunta se encontram na Tabela 14. Referente ao caráter P100S, não houve muita diferença significativa nos valores das médias nas duas safras, com exceção dos genótipos A153P2, A69P1 e E11P1. O genótipo A153P2 na safra 2019/2020 apresentou um ganho 2,41 gramas no caráter P100S, já os genótipos A69P1 e E11P1 obtiveram um decréscimo de 2,64 gramas.

Analisando os dados de PROD, se pode observar que onze genótipos (A101P1, A108P2, A113P1, A158P1, A17P1, A73P1, A78P1, E6P1, F11P1, F7P1 e F8P1) na safra 2019/2020 apresentaram redução em sua produtividade, e dois (A21P1 e E9P1) obtiveram aumento na produtividade. Estes dados demonstram que as condições ambientais e a falta de homogeneidade genética nas primeiras gerações, influenciam na determinação da produtividade das plantas, podendo um mesmo genótipo se comportar de maneira diferente de uma geração para outra (Ramalho et al., 1993; Anti, 2000; Baldissera et al., 2014).

### **3.6. Análise conjunta da seleção direta-indireta e baseada em índices de genótipos de soja safra 2018/2019 e 2019/2020.**

A identificação da existência de variabilidade genética serve como base para as estratégias de seleção direta e indireta. Na Tabela 15, podemos observar os resultados da seleção direta da análise conjunta das safras 2018/2019 e 2019/2020.



**Tabela 15.** Análise conjunta das estimativas do ganho de seleção obtidos após a seleção direta e indireta realizada nos genótipos das safras 2018/2019 e 2019/2020, oriundos dos parentais EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Caracteres agronômicos			
	NDF	NDM	P100G	PROD
NDF	<b>-1,32</b>	-0,94	-0,35	-0,5
NDM	-0,26	<b>-0,33</b>	-0,09	-0,1
P100G	0,02	0,32	<b>1,05</b>	0,31
PROD	4,44	4,95	4,36	<b>12,92</b>
Total	2,88	4,0	4,97	12,63

NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturidade; NNF: número de nós no florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NV: número de vagens totais; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>). Valores em negrito na diagonal correspondem ao ganho de seleção direta, e nas demais células os ganhos de seleção indireta.

Os maiores ganhos diretos foram obtidos para os caracteres PROD, com ganho positivo de 12,92%, e para NDF e NDM com valores negativos de 1,32% e 0,94%, respectivamente. Portanto, pela análise conjunta, a seleção direta também mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo e aumento de produtividade.

Além disso, ao praticar seleção direta para o caráter NDM, visando obter plantas com ciclo mais precoce, é possível observar uma seleção indireta positiva para PROD (4,95%) e P100G (0,32%). Ademais, ao se praticar seleção direta para PROD, desejando obter plantas mais produtivas, é possível observar uma seleção indireta positiva para P100G (0,31%) e negativa para NDF (-0,5%) e NDM (-0,1%).

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou o mesmo ganho de seleção total (7,81%) e individual, para os caracteres em estudo, se comparado ao índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) (7,81%) (Tabela 16).

**Tabela 16.** Análise conjunta das estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção pelos índices de seleção baseado na soma de *ranks* e na distância genótipo-ideótipo, realizada nos genótipos das safras 2018/2019 e 2019/2020, oriundos dos parentais EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

Caracteres agronômicos	Ganho de seleção (%)	
	Baseado na soma de <i>ranks</i>	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-1,16	-1,16
NDM	-0,3	-0,3
P100G	0,35	0,35
PROD	8,92	8,92

Total	7,81	7,81
-------	------	------

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; P100G: peso de cem grãos (gramas); PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)

Contudo, se compararmos os ganhos de seleção direta com os valores obtidos pelos índices de seleção para todos os caracteres agrônômicos estudados, a seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores em relação à utilização dos índices de seleção (Tabela 15 e 16). Porém, os índices de seleção apresentaram ganhos de seleção satisfatórios para os caracteres relacionados ao ciclo e produtividade. Portanto, ambos os índices podem ser utilizados para se aplicar a seleção, pois os resultados gerados foram iguais nos dois.

Tendo como base a seleção de genótipos da análise conjunta de dados das safras 2018/2019 e 2019/2020, considerando a seleção realizada com intensidade de 55% para PROD, os genótipos selecionados se encontram na Tabela 17.

Os 16 genótipos que foram selecionados nos três métodos de seleção foram: A101P1, A108P2, A114P1, A119P1, A144P1, A153P2, A158P1, A21P1, A68P1, A75P1, A78P2, A96P1, E6P1, E9P1, F7P1. O parental EMGOPA 316, também se encontra entre as plantas mais produtivas, demonstrando sua boa capacidade produtiva Tabela 17. Todavia, estes genótipos se apresentaram superiores ao parental MG/BR46 (Conquista).

**Tabela 17.** Genótipos superiores selecionados para produtividade na análise conjunta das safras 2018/2019 e 2019/2020 pela seleção direta, índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock e índice da distância genótipo-ideótipo.

Seleção direta		Índice de Mulamba e Mock (1978)		Índice da distância genótipo-ideótipo	
Genótipos selecionados		Genótipos selecionados		Genótipos selecionados	
A101P1	A68P1	A101P1	A21P1	A101P1	A21P1
A108P2	A73P1	A108P2	A68P1	A108P2	A68P1
A113P3	A75P1	A114P1	A75P4	A114P1	A75P4
A114P1	A78P2	A119P1	A78P2	A119P1	A78P2
A119P1	A90P2	A141P1	A96P1	A141P1	A96P1
A144P1	A96P1	A144P1	E11P1	A144P1	E11P1
A153P2	E6P1	A153P2	E1P1	A153P2	E1P1

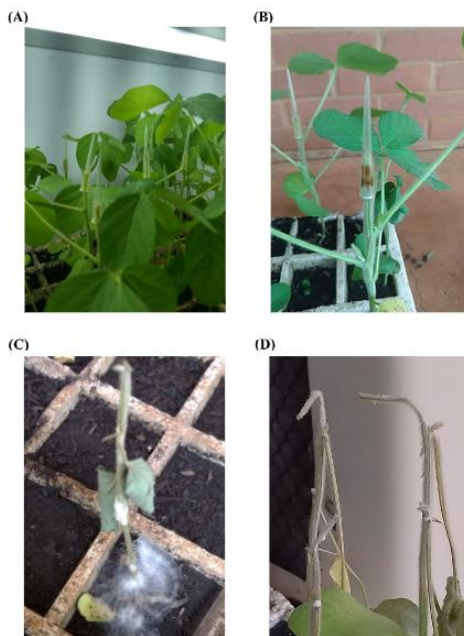
A158P1	E7P1	A158P1	E6P1	A158P1	E6P1
A21P1	E9P1	A17P1	E9P1	A17P1	E9P1
A32P1	F7P1	A19P1	F7P1	A19P1	F7P1
EMGOPA 316		EMGOPA 316		EMGOPA 316	

### 3.7. Identificação de genótipos resistentes à *S. sclerotiorum* na safra 2019/2020.

Além de avaliar os caracteres agrônômicos, visando identificar as plantas que contemplam as exigências do mercado e do sojicultor, tais como ciclo e produtividade, foi analisado a capacidade de resistência dos 21 genótipos mais produtivos da safra 2019/2020 à doença mofo branco (Tabela 9).

Vários estudos têm demonstrado que os métodos de inoculação têm forte relação com os resultados de campo. Além disso, em comparação com os diversos métodos descritos na literatura para testar a susceptibilidade dos genótipos, os métodos de inoculação são os considerados mais precisos (Kull et al., 2003; Koga et al., 2014; Martins et al., 2018). A utilização do método “*cut Stem*” (Kull et. Al., 2003) permitiu discriminar diferentes níveis de resistência dos genótipos em estudo, com base nas reações ao mofo branco. Na Figura 3, se pode observar a reação das plantas inoculadas com *S. sclerotiorum*.

**Figura 3.** Reação de genótipos de soja da safra 2019/2020 a *Sclerotinia sclerotiorum* pelo método de inoculação “cut stem”, oriundos dos parentais EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista). (A) Plantas inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* incubadas em uma incubadora Demanda Bioquímica de Oxigênio (B.O.D). (B) Lesões necróticas e (C) micélios brancos nos meristemas apicais e nas hastes principais. (D) Planta suscetível.



A Figura 3 demonstra a formação de lesões necróticas e presença de micélios brancos nos meristemas apicais e nas hastes principais. O desenvolvimento e o progresso da doença ocorreram muito rapidamente em plantas suscetíveis, enquanto em plantas resistentes, o progresso da doença foi limitado no meristema apical (Figura 3).

Conforme mostrado na Tabela 18, os resultados revelaram a existência de variância genética entre os genótipos para severidade a *S. sclerotiorum* ( $p \leq 0,05$ ). Além disso, o coeficiente de variação (CV) apresentou valor de 14,42% (Tabela 18), indicando um conjunto de dados homogêneos (Gomes, 1985; Pimentel-Gomes, 2009).

O valor de  $h^2$  foi de 94,54%, assinalando que a maior parte da variância fenotípica da resistência ao mofo branco, neste experimento, é geneticamente controlada. O valor de  $h^2$  obtido foi superior a maioria dos trabalhos descritos na

literatura (Guo et al., 2008; Kim and Dias, 2000; Kandel et al., 2018). Provavelmente isso ocorreu devido ao controle rigoroso das condições experimentais, pois a dificuldade em se desenvolver linhagens de soja resistentes ao mofo branco se deve ao fato de a resistência ser quantitativa com moderada a baixa herdabilidade, além de sofrer expressiva influência ambiental (Kandel et al., 2018). Assim, ainda há uma necessidade de identificar cultivares que sustentam a resistência hereditária tanto em diversos ambientes como para múltiplos isolados de *S. sclerotiorum*.

**Tabela 18.** Resumo da análise de variância e herdabilidade ( $h^2$ ) de progênies de soja da safra 2019/2020 inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* do cruzamento EMGOPA 316 × MG/BR46 (Conquista).

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>F</b>
Blocos	2	20,905	
Genótipos	24	1569,174	18.325**
Resíduo	48	85,629	
CV (%)	14,426		
$h^2$ (%)	94,54		

FV = fontes de variação; GL = graus de liberdade; QM = quadrado médio; CV = coeficiente de variação;  $h^2$  = herdabilidade; \*\*: significativo ao nível de 5% de probabilidade para o teste F.

Afim de comparar as médias da severidade da doença do mofo branco nos genótipos de soja da safra 2019/2020, foi realizado o teste de Scott-Knott (Tabela 19).

A Tabela 19 mostra a formação de quatro grupos de resposta a doença. O primeiro grupo, composto por quatro genótipos com escores de incidência entre 87,49% (A78P2) e 100% (A75P1), incluindo as cultivares de soja BMX Desafio e BRSGO-7560 como cultivares comerciais padrão de suscetibilidade; o segundo grupo composto por sete genótipos, com incidência variando de 71,05% (E11P2) a 80,37% (A108P2); o terceiro grupo, formado por dez genótipos com valores de 40,90% (E1P1) até 56,80% (A68P1); e o quarto grupo composto pelos parentais, EMGOPA 316 (21,18%) e MG / BR 46 (Conquista) (20,23%) .

Com base na severidade das reações à doença mofo branco, os genótipos foram classificados como imunes (ausência da doença), altamente resistentes (HR = 0 a 11%), resistentes (R = 12 a 24%), moderadamente resistentes (MR = 25 a 50%) e suscetível (S > 50%) (Garcia e Juliatti, 2012). Em relação ao método “cut

Stem”, nossos resultados revelaram que os materiais parentais foram classificados como resistentes (Tabela 19). Corroborando com nossos dados, Garcia e Juliatti (2012) e Martins et al. (2018) também consideraram os genótipos EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista) como resistentes e MR, respectivamente, quando comparados a outras cultivares comerciais.

**Tabela 19.** Médias de severidade e classificação de resistência ao mofo-branco de progênies de soja na geração F<sub>4</sub> do cruzamento EMGOPA 316 × MG / BR46 (Conquista).

Genótipos	$\bar{X}$	Classificação de Resistência <sup>1</sup>
A75P1	100.0a	S
BRSGO-7560	91.69a	S
A144P1	91.63a	S
BMX DESAFIO	89.81a	S
E2P1	88.30a	S
A78P2	87.49a	S
A108P2	80.37b	S
A32P1	80.33b	S
A21P1	78.36b	S
E6P1	77.07b	S
A153P2	74.42b	S
A119P1	73.57b	S
E11P2	71.05b	S
A68P1	56.80c	S
E11P1	56.50c	S
A96P1	53.44c	S
A158P1	50.33c	S
A101P1	48.88c	MR
E9P1	45.32c	MR
A90P2	44.35c	MR
E7P1	44.25c	MR
E1P1	40.90c	MR
A114P1	37.26c	MR
EMGOPA 316	21.18d	R
MG/BR46 (Conquista)	20.23d	R

S: suscetível; MR: moderadamente resistente; R: resistente;  $\bar{X}$ : médias de gravidade seguidas de letras diferentes são estatisticamente diferentes de acordo com o teste de Scott-Knott ( $p \leq 0,05$ ).

<sup>1</sup>Segundo Garcia e Juliatti (2012).

Além disso, na Tabela 19, foi possível identificar que 15, dos 21 genótipos da safra 2019/2020 avaliados, foram classificados como suscetíveis e seis eram MR à doença do mofo branco (A101P1, E9P1, A90P2, E7P1, E1P1 e A114P1). Alguns genótipos identificados como MR foram selecionados como indivíduos superiores nesta população. Os genótipos A101P1, E9P1, E7P1 e A114P1 também foram identificados como genótipos superiores para produção da análise conjunta

de dados das safras 2018/2019 e 2019/2020 (Tabela 17), focada para PROD. Esses achados evidenciam o grande potencial desses genótipos em se tornarem cultivares que atendam às exigências do mercado a nível de produção e resistência a doença do mofo branco.

#### **4. Conclusão**

Os genótipos avaliados neste estudo, oriundos do cruzamento entre as cultivares EMGOPA 316 e MG/BR46 (Conquista), se mostraram promissores na busca por genótipos produtivos, que apresentem ciclo precoce e resistência a doença mofo branco. Os dados e resultados apresentados neste trabalho podem ser de valor substancial, podendo ser usados por programas de melhoramento que buscam melhorar as linhagens de soja para os caracteres agronômicos aqui abordados.

Além disso, linhagens de soja que associam resistência a doenças com outras características agronômicas desejáveis podem acelerar consideravelmente o desenvolvimento de cultivares elite. Enquanto que mecanismos moleculares ainda precisam ser explorados neste estudo, novas avaliações de gerações avançadas dessa população usando técnicas moleculares podem revelar regiões no genoma ligadas à resistência a doença mofo branco.

## Referências bibliográficas

- Anti, A. B. 2000. Caracterização de germoplasma de soja e de feijão através de eletroforese de isoenzimas da semente. *Bragantia*, 59(2): 139-42.
- Baldissera, J. N. C.; Valentini, G.; Coan, M. M. D.; Guidolin, A. F.; Coimbra, J. L. M. 2014. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 13(2): p.181- 189.
- Barros, J.P.A.; Sedyama, T; Silva, F. C. S.; Silva, A. F.; Bezerra, A. R. G.; Rosa, D.P.; Silva, A. S. L.; Oliveira, D. S. 2016. Estimates of genetic parameters and efficiency in selection for branching capacity in soybean genotypes. *Journal of Agronomy*, 15(1): 39-44.
- Bizari, E. H.; Val, B. H. P; Pereira, E. M.; Di Mauro, A. O.; Unêdatrevisoli, S. H. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciência Agronômica*, 48(1): 110-117.
- Castro, G. S. A.; Kouri, J.; Alves, L. W. R.; Silva Neto, S. P. 2014. Avaliação de cultivares de soja no Cerrado do estado do Amapá. Macapá: Embrapa Amapá, p. 5. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/995935/avaliacao-de-cultivares-de-soja-no-cerrado-do-estado-do-amapa>, acessado em 27 de julho de 2021.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. 2021. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Safra 2020/21. 11º levantamento, Brasília, 8(11): 1-108. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra-graos/boletim-da-safra-de-graos>, acesso em 28 de agosto de 2021.
- Cunha, W.G.; Tinoco, M.L.P.; Pancoti, H.L.; Ribeiro, R.E.; Aragão, F.J.L. 2010. High resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in transgenic soybean plants transformed to express an oxalate decarboxylase gene. *Plant Pathology* 59: 654-660.
- Cruz, T. V.; Peixoto, C. P.; Martins, M. C. 2010. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no Oeste da Bahia. *Scientia Agricola*, 11(2): 33-42.



Cruz, C. D.; Regazzi, A. J; Carneiro, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, p. 514.

Garcia, R.; Juliatti, F. C. 2012. Evaluation of soybean resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* at different phenological stages and inoculum exposure periods = Avaliação da resistência de soja a *Sclerotinia sclerotiorum* em diferentes estádios fenológicos e períodos de exposição a inóculo. Tropical Plant Phatology, 37: 196-203

Guo, X.; Wang, D.; Gordon, S.G.; Helliwell, E.; Smith, T.; Berry, S.A. 2008. Genetic mapping of QTLs underlying partial resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean PI 39269+A and PI 391589B. Crop Science 48: 1129-1139.

Fehr, W.R.; Caviness, C.E. 1977. Stages of Soybean Development. Iowa State University, Ames, IA, USA. (Special Report, 87). Disponível em: <https://lib.dr.iastate.edu/specialreports/87>, acessado em 27 de julho de 2021.

Garcia, R.; Juliatti, F. C. 2012. Evaluation of soybean resistance to *Sclerotinia sclerotiorum* at different phenological stages and inoculum exposure periods = Avaliação da resistência de soja a *Sclerotinia sclerotiorum* em diferentes estádios fenológicos e períodos de exposição a inóculo. Tropical Plant Phatology, 37: 196-203.

Garcia, R. A., Meyer, M. C., Avila, K. A. G. B., Cunha, M. G. da. 2015. Métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 50(8), 726-729.

Gesteira, G. S.; Zambiazzi, E. V.; Bruzi, A. T.; Soares, I.O.; Rezende, P. M.; Silva, K. B. 2015. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para região Sul de Minas Gerais. Revista Agrogeoambiental, 7(3): 79-88.

Gomes, F. P. 1985. Curso de estatística experimental. São Paulo: Nobel, p. 467.

Juliatti, F. C.; Sagata, E.; Jaccoud Filho, D. de S.; Juliatti, B. C. M. 2014. Métodos de inoculação e avaliação da resistência de genótipos de soja à *Sclerotinia sclerotiorum*. Bioscience Journal, 30: 958-968.

- Kandel, R.; Chen, C. Y.; Grau, C. R.; Dorrance, A. E.; Liu, J. Q.; Wang, Y.; Wang, D. 2018. Soybean Resistance to White Mold: Evaluation of Soybean Germplasm Under Different Conditions and Validation of QTL. *Frontiers in Plant Science*, 9, 505.
- Koga, L.J.; Bowen, C.R.; Godoy, C.V.; Oliveira, M.C.N.; Hartman, G.L. 2014. Mycelial compatibility and aggressiveness of *Sclerotinia sclerotiorum* isolates from Brazil and the United States. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 49: 265-272.
- Kull, L.S.; Vuong, T.D.; Powers, K.S.; Eskridge, K.M.; Steadman, J.R.; Hartman, G.L. 2003. Evaluation of resistance screening methods for *Sclerotinia* stem rot of soybean and dry bean. *Plant Disease* 87: 1471-1476.
- Leite, W. S.; Pavan, B. E.; Matos Filho, C. H. A.; Feitosa, F. S.; de Oliveira, C. B. 2015. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. *Nativa, Sinop*, 3(4): 241-245.
- Leite, W. S.; Pavan, B. E.; Matos Filho, C. H. A.; Alcantara Neto, F. 2016. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. *Communicata Scientiae* 7: 302-310.
- Lopes, A. C. A.; Vello, N. A.; Pandini, F.; Moura, R. M. M.; Tsutsumi, C. Y. 2002. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. *Scientia Agricola*, 59(2): 341-348.
- Maia, M. C. C.; Vello, N. A.; Rocha, M. M.; Fonseca Júnior, N. S.; Lavorante, O. J.; Pinheiro, J. B.; Dias, C. T. S.; Assis, G. M. L. 2009. Seleção de linhagens experimentais de soja para características agrônômicas e tolerância a insetos. *Bragantia*, 68(1): 85-97.
- Martins, J.A.S.; Alves, A.B.; Garcez, M.; Juliatti, F.C. 2018. Partial resistance of soybean lines to Asian Rust and White Mold. *Bioscience Journal* 34: 1281-1286.
- Matsuo, É.; Sedyama, T.; Cruz, C. D.; Brommonschenkel, S. H.; Ferreira, S. C.; Fialho, G. S. 2015. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. *Bioscience Journal*, 31(6): 1663-1670.

- Martins, J. A. S.; Alves, A. B.; Garcez, M.; Juliatti, F. C. 2018. Partial resistance of soybean lines to Asian Rust and White Mold. *Bioscience Journal*, Uberlândia, 34, 5, 1281-1286.
- McCaghey, M.; Willbur, J.; Ranjan, A.; Grau, C. R.; Chapman, S.; Diers, B.; Groves, C.; Kabbage, M.; Smith, D. L. 2017. Development and evaluation of Glycine max germplasm lines with quantitative resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1495. doi: 10.3389/fpls.2017.01495
- Pereira, F. C.; Bruzi, A. T.; Matos, J. W.; Rezende, B. A.; Prado, L. C.; Nunes, J. A. R. 2017. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. *Plant Breeding*, 136(5): 679-687.
- Pimentel-Gomes, F. 2009. Curso de estatística experimental. 15. ed., Piracicaba: Fealq, p.451.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J. B.; Zimmermann, M. J. O. 1993. Genética quantitativa em plantas autógamias: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, p.271.
- Rocha, R.S.; Silva, J. A. L.; Neves, J. A.; Sedyama, T.; Teixeira, R. C. 2012. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. *Revista Ciência Agronômica*, 43(1): 154-162.
- Sedyama, T.; Teixeira, R. C.; REIS, M. S. 2005. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 553-604.
- Teixeira, F. G.; Hamawaki, O. T.; Nogueira, A. P. O.; Hamawaki, R. L.; Jorge, G. L.; Hamawaki, C. L.; Machado, B. Q. V.; Santana, A. J. O. 2017. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, 16(3):1-17.
- Torres, F. E.; David, G. V.; Teodoro, P. E.; Ribeiro, L. P.; Correa, C. G.; Júnior, R. A. L. 2015. Desempenho agrônomo e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. *Revista de Ciências Agrárias*, 38(1): 111-117.

USDA - United States Department of Agriculture. 2021. Oilseeds: world markets and trade. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>., acesso em 28 de agosto de 2021.

Val, B. H. P.; Silva, F. M.; Bizari, E. H.; Leite, W. S.; Groli, E. L.; Matos Pereira, E.; Unêda-Trevisoli, S. H.; Mauro, A. O. 2017. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. *African Journal of Biotechnology*, 16(8): 328-336.

Volpato, L.; Alves, R. S.; Teodoro, P. E.; Resende, M. D. V.; Nascimento, M.; Nascimento, A. C. C.; Ludke, W. H.; Silva, F. L.; Borém, A. 2019. Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny. *PLoS One* 14: e0215315.

Yokomizo, G. K. I.; Santos, I. C. 2018. Desempenho de genótipos de soja no cerrado amapaense de 2009 a 2013. *Revista de Ciências Agrárias*, volume 61.

Zhang, J.; Song, Q.; Cregan, P. B.; Nelson, R. L. 2015. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. *BMC Genomics* 16: 1-15.