Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

Resistência à ferrugem asiática em linhagens elite de soja

Maiara de Oliveira

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2019

Maiara de Oliveira
Bacharel em Agronomia

Resistência à ferrugem asiática em linhagens elite de soja

Orientador:
Prof. Dr. **JOSÉ BALDIN PINHEIRO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP

Oliveira, Maiara de

Resistência à ferrugem asiática em linhagens elite de soja / Maiara de Oliveira. - - Piracicaba, 2019.

51 p.

Dissertação (Mestrado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Glycine max* 2. *Phakopsora pachyrhizi* 3. Melhoramento de plantas 4. Resistência a doença 5. Componentes de variância I. Título

Dedicatória

Aos meus pais, Marli e Edilson, pelo amor incondicional, apoio, dedicação e valiosos ensinamento, dedico

*As minhas irmãs, Gabriela e Camila, pela amizade e companheirismo.
Aos amigos, que aos poucos, se tornaram essenciais, ofereço*

Agradecimentos

À Deus, por me conduzir no melhor caminho e por todas as oportunidades concedidas.

Aos meus Pais, Marli e Edilson, pelo apoio, atenção, amor incondicional e paciência, me ouvindo nos bons e maus momentos.

As minhas irmãs, Gabriela e Camila, que mesmo longe sempre me incentivaram a enfrentar os obstáculos.

Ao meu orientador, Professor Dr. José Baldin Pinheiro, pelos ensinamentos e confiança, a quem tenho imensa admiração e gratidão.

Aos amigos do Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento (DGM), sem os quais o trabalho não teria sucesso. Em especial ao Emanuel, Diane e Máisa, pelo grande apoio e paciência na execução desse trabalho e convivência nos momentos de descontração.

Aos amigos da pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela parceria nas aulas, pelos momentos especiais de descontração e por me confortarem a qualquer momento.

A todos os funcionários do Departamento de Genética, que foram essenciais para execução desse trabalho. Em especial ao Cláudio Segatteli, por todos os ensinamentos e apoio, além dos excelentes conselhos. Aos funcionários de campo Márcio e Domingos Amaral.

A todos os professores do Departamento de Genética por todos os excelentes ensinamentos.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho, por me introduzir nessa área, fazendo com que eu me encantasse pela área de Genética e Melhoramento de Plantas, também pelo exemplo de pessoa e profissional.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e ao Departamento de Genética, por todo ensinamento e pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao CNPQ pela concessão da bolsa de estudos.

À empresa Tropical Melhoramento Genético e ao Dr. Alexandre Garcia por possibilitar a realização de parte desse projeto.

Aos membros da banca e suplentes que aceitaram o convite.

Enfim, a todos aqueles que direta ou indiretamente, contribuíram para o meu crescimento profissional e para realização desse trabalho.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO.....	6
ABSTRACT	7
1. INTRODUÇÃO	9
2. SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA OBTIDAS DO CRUZAMENTO ENTRE GENITORES ADAPTADOS E EXÓTICOS.....	15
RESUMO.....	15
ABSTRACT	15
2.1. INTRODUÇÃO	16
2.2. MATERIAL E MÉTODOS	17
2.2.1. <i>Fenotipagem em campo</i>	17
2.2.2. <i>Análise de dados</i>	18
2.3. RESULTADOS E DISCUSSÕES	20
2.3.1. <i>Parâmetros genéticos</i>	20
2.3.2. <i>Correlação entre os caracteres</i>	22
2.3.3. <i>Ganho de seleção</i>	23
2.4. CONCLUSÃO	28
3. SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA RESISTENTES À FERRUGEM E COM ALTAS PRODUTIVIDADES	31
RESUMO.....	31
ABSTRACT	31
3.1. INTRODUÇÃO	32
3.2. MATERIAL E MÉTODOS	33
3.2.1. <i>Fenotipagem para resistência à ferrugem em campo</i>	33
3.2.1.1. <i>Análise de dados</i>	34
3.2.2. <i>Avaliação de resistência à ferrugem em casa de vegetação</i>	35
3.3. RESULTADOS E DISCUSSÕES	37
3.4. CONCLUSÃO	40
ANEXOS	43

RESUMO

Resistência à ferrugem asiática em linhagens elite de soja

O melhoramento genético de plantas tem proporcionado incrementos significativos em produtividade na cultura da soja. Porém a existência de inúmeros insetos-praga e doenças tem dificultado o trabalho dos melhoristas, que buscam formas de resistência eficientes para esses estresses. Dentre as doenças que atacam a soja destaca-se a ferrugem asiática da soja, sendo uma ameaça global à produção da cultura, diminuindo a produtividade e aumentando consideravelmente a aplicação de fungicidas nos sistemas de cultivo. Diante disso, o objetivo desse estudo foi avaliar linhagens elite de soja, oriundas de cruzamentos entre genitores adaptados e exóticos, visando à seleção de linhagens resistentes à ferrugem asiática da soja, com altas produtividades e com características agronômicas favoráveis. Foram avaliadas 299 linhagens de soja e cinco testemunhas comerciais, avaliados em três locais contrastantes na safra 2017/2018. Os genótipos foram avaliados com base nos seguintes caracteres: Número de dias para o florescimento (NDF), Número de dias para a maturidade (NDM), Altura da planta na maturidade (APM), Valor agronômico (VA), Acamamento (AC), Massa de cem sementes (MCS) e Produtividade de grãos (PG). Para cada característica, os componentes de variância foram estimados usando o método REML e os valores genotípicos de cada indivíduo foram estimados pelo procedimento BLUP. Também foram estimados os parâmetros de herdabilidade, correlação e ganho com a seleção. Foram selecionados os indivíduos que obtiveram média de PG superior a 1700 kg.ha⁻¹. Para maioria dos caracteres avaliados a variância do ambiente, superou a variância genética e da interação, indicando que o ambiente tem grande influência na expressão dos caracteres. As correlações significativas não apresentaram altas magnitudes, inviabilizando a seleção indireta, portanto é recomendado a seleção conjunta para todos os caracteres. A seleção baseada em altas produtividades gerou ganhos satisfatórios para as demais características. Foi possível observar genótipos que apresentaram bom desempenho nos três ambientes avaliados. Em um dos locais, com maior pressão da doença, foi avaliada a severidade da doença (SEV). Os mesmos 299 genótipos e mais quatro testemunhas, duas resistente (Orba e Bing Nan) e duas suscetíveis (IAC 100 e CD 215), foram avaliados quanto à resistência em casa de vegetação. Três caracteres foram avaliados: Tipo de lesão (RB ou TAN), quantidade de esporos nas lesões na base da planta (QE1) e quantidade de esporos nas lesões na copa da planta (QE2). A herdabilidade para SEV foi de 0,61, esse valor é intermediário, mostrando que a seleção realizada com base nessa característica pode resultar em genótipos mais resistentes. Para EQ1 e EQ2, os resultados indicam que existe variabilidade e consequentemente a herdabilidade também apresentou valores elevados. Constatou-se a dificuldade em unir genótipos com bons níveis de resistência à ferrugem e altas produtividades. Foram encontradas linhagens promissoras para a seleção ou inclusão em cruzamentos visando resistência a esta importante doença da soja.

Palavras-chave: *Glycine Max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Melhoramento de plantas; Resistência a doença; Componentes de variância

ABSTRACT

Asiatic rust resistance in elite soybean lines

Breeding of plants has provided significant increases in productivity in the soybean crop. However, the existence of numerous pests and diseases has hampered the work of breeders, who are looking for effective resistance to these stresses. Among soybean diseases, soybean rust is an important threat to soybean production, reducing productivity and considerably increasing fungicide application in cropping systems. Thus, the objective of this study was to evaluate elite soybean lines, originated from crosses between adapted and exotic parents, aiming the selection of strains resistant to soybean Asian rust, with high yields and favorable agronomic characteristics. A total of 299 soybean lines and five commercial checks were evaluated at three contrasting sites in the 2017/2018 season. The genotypes were evaluated based on the following characters: Number of days to flowering (NDF), Number of days to maturity (NDM), Plant height at maturity (PHM), Agronomic value (AV), lodging (L), 100 seed weight (HSW) and grain yield (GY). For each trait, the components of variance were estimated using the method REML and genotypic values of each individual were estimated by procedure BLUP. The parameters of heritability, correlation, and gain selection were also estimated. Individuals who obtained an average yield of more than 1700 kg.ha⁻¹ were selected. For most of the characters evaluated the environmental variance, it exceeded the genetic variance and the interaction, indicating that the environment has a great influence on the expression of the characters. The significant correlations did not present high magnitudes, making indirect selection unfeasible, so it is recommended to joint selection for all the characters. The selection based on high yields generated satisfactory gains for the other characteristics. It was possible to observe genotypes that showed good performance in the three evaluated environments. In one of the sites with the highest disease pressure the severity of the disease (SEV). The same 299 genotypes and four other checks, two resistant (Orba and Bing Nan) and two susceptible (IAC 100 and CD 215) were evaluated resistance in the greenhouse. Three characters were evaluated: Type of lesion (RB or TAN), amount of spores in the lesions at the base of the plant (QE1) and amount of spores in the crowns of the plant (QE2). The heritability for SEV was 0.61, this value is intermediate, showing that selection based on this characteristic may result in more resistant genotypes. For EQ1 and EQ2, the results indicate that there is variability and consequently the heritability also presented high values. It was verified the difficulty in joining genotypes with good levels of resistance to Rust and high yields. Promising lines were found for selection or inclusion in crosses for resistance to rust.

Keywords: *Glycine Max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Plant breeding; Disease resistance; Components of variance

1. INTRODUÇÃO

A soja cultivada é uma planta herbácea incluída na classe Magnoliopsida (Dicotiledônea), ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae* (WOJCIECHOWSKI; MAHN; JONES, 2006). Tem sua origem no leste da Ásia, provavelmente na região da China, região onde é cultivada há centenas de anos. Sua evolução inicia-se a partir de cruzamentos naturais entre duas espécies selvagens, que sofreram domesticação e foram melhoradas na antiga China. A soja então se expandiu para outras regiões da Ásia, e posteriormente foi introduzida na Europa, América do Norte e América do Sul (CHUNG et al., 2014). Os países que mais produzem esse grão nos dias atuais são, respectivamente, Estados Unidos, Brasil e Argentina que são responsáveis por 82% da produção mundial (CONAB, 2018).

Atualmente é a cultura de maior importância econômica no Brasil, com uma área de 35,1 mil hectares, apresentando crescimento na área plantada de 3,6%, comparado com o observado na safra anterior e produtividade média de 3,36 mil kg por hectares na safra 2017/18. A produção brasileira de soja se concentra na Região Centro-Oeste e na região Sul, responsáveis por 68,81% e 15,01% da produção brasileira, respectivamente, sendo os principais estados Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul e Goiás, respectivamente. Outro fato importante é o forte crescimento observado nos estados de Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia, que apresentaram aumentos expressivos na produção de soja, nas últimas safras. Essa região, denominada de Matopiba, é formada por esses estados e apresenta de maneira contínua, crescimentos expressivos na cultura da soja (CONAB, 2018).

Devido ao melhoramento da cultura e novas técnicas de manejo, a soja se expandiu para o Centro-Oeste e o “Complexo Soja” tornou-se de grande importância para a agricultura brasileira até os dias atuais. Esse complexo de produtos derivados da soja é composto pela soja em grãos, o óleo de soja bruto e refinado, farelo e demais óleos e derivados, além de ser considerada uma opção extremamente eficaz para a produção de biodiesel. Devido a sua organização e complexidade, o agronegócio sojícola brasileiro possui um percurso que vai desde a produção do grão até chegar aos consumidores, gerando inúmeros empregos, pesquisas em instituições públicas e privadas, movimentam a economia do país e geram conhecimento global (DALL’AGNOL et al., 2007).

O desenvolvimento de linhagens de soja é dividido em três etapas principais: escolha dos genitores e hibridação, seleção e, por último, avaliação das linhagens mais promissoras, que é realizada após as gerações F6 ou F7 (MATTA, 2008). Graça ao melhoramento genético a soja tem se adaptado a diferentes regiões brasileira, alcançado altos índices de produtividade, além de solucionar diversos problemas ocasionados por fatores bióticos e abióticos. O germoplasma de soja existente no Brasil é oriundo de poucas linhagens ancestrais, estreitando a base genética da cultura, e assim limitando o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de plantas, que muitas vezes é dificultado pela indisponibilidade de alelos de interesse, como resistência a estresses bióticos e abióticos (HYTEN et al., 2006). Essa limitação pode ser superada a partir de programas de pré-melhoramento que encontram genes de interesse em germoplasma exótico para posterior introdução em materiais adaptados.

Na soja, existem inúmeros caracteres considerados de importância agrônoma e são trabalhados em programas de melhoramento, como número de dias para o florescimento, número de dias para a maturidade da planta, altura da planta ao final do ciclo, valor agrônomo, acamamento e produtividade, além de resistência a estresses bióticos e abióticos. Diversos fatores influenciam na produtividade e qualidade da soja, entre eles as doenças são as principais limitadoras do rendimento e da lucratividade final da produção. No Brasil aproximadamente 50 doenças já foram relatadas na soja, causadas por fungos, bactéria e nematóides, e esse número tende a aumentar devido a práticas errôneas no manejo, produção extensiva da cultura caracterizando o sistema de

monocultura e a expansão da cultura para novas fronteiras agrícolas (VIEIRA GODOY et al., 2014). Dentre as doenças que atacam a cultura da soja, destaca-se à Ferrugem Asiática, que tem ganhado a atenção e preocupação de produtores e pesquisadores (MORCELI et al., 2008; RIBEIRO et al., 2007).

Existem duas espécies do gênero *Phakopsora* que incidem na cultura da soja, *Phakopsora meibomiae* (Arthur), conhecida como ferrugem americana e *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow), a ferrugem asiática (FAS). A primeira é menos agressiva, raramente ocasionando prejuízos econômicos e é facilmente controlada por fungicidas. No entanto, o agente causador da ferrugem asiática, é considerado extremamente agressivo, causando prejuízos em praticamente todos os países produtores de soja (GOELLNER et al., 2010).

O fungo *P. pachyrhizi*, agente causal da FAS, pertence ao filo *Basidiomycota*, classe *Pucciniomycetes*, ordem *Pucciniales* e família *Phakopsoraceae*. É um fungo biotrófico, portanto para sobreviver depende de hospedeiros vivos. Foi relatada no Brasil em 2001 e se espalhou por outros países produtores da América do Sul, ocasionando grandes perdas em produtividade e aumento do custo de produção, pelos custos operacionais de aplicação e compra de fungicidas (YORINORI; LAZZAROTTO, 2004).

No Brasil vários fatores são considerados favoráveis para o desenvolvimento da doença, como as grandes extensões territoriais das lavouras e o predomínio da monocultura, favorecendo a produção e disseminação do inóculo, além do clima extremamente favorável encontrado no país, existência de inúmeras raças do patógeno e práticas culturais realizadas de maneira errônea, que acabam diminuindo a eficácia no controle da doença (JULIATTI; POLIZEL; JULIATTI, 2004).

A principal forma de dispersão do patógeno é pelo vento, o que facilita sua disseminação por longas distâncias. O inóculo responsável pela infecção é o uredósforo, que ao depositar-se nas folhas da planta, germina e emite um tubo germinativo que cresce pela superfície da folha e, ao contrário de outras ferrugens, penetra diretamente através da epiderme (REIS; BRESOLIN; CARMONA, 2006). As condições ambientais influenciam diretamente no sucesso da doença, geralmente, condições ambientais ideais para o desenvolvimento da cultura também favorecem o aumento da doença. A germinação do esporo acontece de 1 a 4 horas depois de sua deposição na folha e para que ocorra a infecção é necessária a disponibilidade de água, com um período de molhamento foliar de pelo menos 6 h e temperaturas entre 15 e 28 °C (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995).

Os sintomas da doença aparecem primeiramente, no terço inferior ou médio da planta, podem ocorrer em qualquer estágio de desenvolvimento da planta e se manifestam irregularmente, de acordo com as condições ambientais. As lesões são caracterizadas por pequenos pontos na face superior da folha e uma protuberância, as urédias, na face abaxial que liberam os uredósporos. As lesões adquirem diferentes colorações de acordo com a idade e a interação planta-hospedeiro. São considerados suscetíveis genótipos que possuem lesões TAN, que são caracterizadas por coloração castanho-clara e presença de muitos uredósporos, ou podem apresentar lesões do tipo RB (Reddish Brown), que apresentam cor castanho-avermelhada e pouco ou nenhum uredósporos. As lesões do tipo RB são encontradas em genótipos resistentes, resultantes de uma reação de hipersensibilidade, em que as células ao redor do local de penetração do patógeno morrem, pois como o patógeno causador da FAS é biotrófico, o seu crescimento é limitado ao local onde ocorreu a infecção. A resistência também pode estar associada a uma resposta imune (IM), em que o hospedeiro não apresenta sintomas visíveis, nem a presença de urédias e uredósporos (HARTMAN; MILES; FREDERICK, 2005).

O grande dano causado pela FAS é a redução da produtividade final, pois a doença ocasiona a destruição dos tecidos foliares, diminuindo a área fotossinteticamente ativa, causando desfolha prematura e impedindo a formação do grão. Quando mais cedo à doença atingir a lavoura, maiores serão os prejuízos, ocasionando

abortamento e queda das vagens. A diminuição da produtividade varia de acordo com a intensidade e a fase fenológica em que o fungo atinge a lavoura, porém as plantas são mais suscetíveis à doença na fase de florescimento. A ferrugem já pode ser observada em todos os países tropicais e subtropicais, causando perdas que podem chegar até 80% (ALVES; FURTADO, 2006; BROMFIELD; HARTWIG, 1980).

Existem algumas estratégias de manejo que visam controlar a doença no campo. Atualmente, a estratégia mais usada pelos produtores, é o uso de defensivos agrícolas. Porém, seu uso aumenta consideravelmente os custos de produção, pois para o controle efetivo é necessário que ocorra de 3 a 5 aplicações por safra, apresentando assim riscos ambientais quando usados de maneira errônea. Outras práticas culturais também podem ser utilizadas para diminuir os riscos e os custos ocasionados pela doença, como o vazio sanitário, que diminui a incidência do inóculo na entressafra, a utilização de plantas precoces para diminuir o período em que o patógeno fica no campo, plantio no início da época recomendada e evitar o aumento do período de semeadura, devido à multiplicação do fungo nos primeiros plantios (YORINORI; LAZZAROTTO, 2004). Porém, dentre todas as estratégias de controle utilizadas, a utilização de genótipos resistentes é a prática que tem sido mais estudada por sua eficiência e redução de custo. No entanto, atualmente o número de genótipos resistentes a FAS é bem restrito, por isso a necessidade do desenvolvimento de novas linhagens que sejam resistentes à doença (MONTEIRO et al., 2018).

Devido a alta agressividade da ferrugem da soja, é imprescindível a obtenção de cultivares que possuam um alto nível de resistência, além de possuírem alta produtividade. A resistência genética é a técnica mais recomendado para controlar a doença, pois reduz o custo final de produção e previne impactos ao meio ambiente. Uma das estratégias utilizadas pelos programas de melhoramento é a identificação de acessos resistentes em germoplasma e posterior cruzamento com cultivares que tenham produtividade elevada. Muitos trabalhos podem ser encontrados mostrando fontes potenciais de resistência, que são as introduções de plantas (PIs). Geralmente, as PIs são materiais que apresentam baixa produtividade e características agronômicas não desejadas, por isso são introduzidas de maneira gradativa por meio de programas de pré melhoramento (ESPOLADOR, 2017; PRIOLLI et al., 2002; UNFRIED, 2007; VELLO; FEHR; BAHRENFUS, 1984).

A resistência é uma resposta de defesa da planta, resultante do conjunto de fatores que tendem a diminuir a agressividade do agente causador ou também pode se apresentar de forma variável, originando plantas imunes em um extremo ou completamente suscetíveis no outro. O termo imune é usado em sentido absoluto, pois é definida pela incapacidade do patógeno estabelecer relações com o hospedeiro, resultando na ausência do processo da doença. O termo resistente e suscetível são considerados relativos e quantitativos porque resultam em menor ou maior desenvolvimento da doença nos tecidos da planta (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995). A resistência pode ser classificada pela sua efetividade contra as raças do patógeno, sendo conhecida como vertical quando é efetiva contra uma ou poucas raças do patógeno e resistência horizontal quando é efetiva contra todas as raças (LI et al., 2012).

A resistência vertical é, geralmente, controlada por um (resistência monogênica) ou poucos genes (resistência oligogênica) e atua reduzindo o inóculo inicial da doença, atrasando a ocorrência da epidemia. Esse tipo de resistência é o mais utilizado nos programas de melhoramento devido a sua facilidade de ser trabalhada, sendo uma forma de resistência raça-específica pouco influenciada pelo ambiente. Porém, ela pode ser facilmente quebrada devido a grande variabilidade genética encontrada no patógeno. Por isso, uma estratégia interessante de manejo seria a utilização de cultivares com genes de resistência piramidados, com o intuito de aumentar a duração da resistência no mercado de cultivares (ALZATE-MARIN et al., 2005; UNFRIED, 2007; VAN DER PLANK, 1966; YAMANAKA et al., 2013).

Os melhoristas tem se empenhado no desenvolvimento de resistência mais durável por meio da piramidação de genes, visto que a resistência conferida por um único gene se apresenta bastante vulnerável para populações diversas e dinâmicas de plantas e patógenos, por potencializar a mutação e recombinação do fungo, em resposta a pressão de seleção imposta pelo genótipo, tornando-o um patógeno virulento. Para realizar a piramidação de genes, é necessário que um “screening” extensivo de doença seja feito, contendo as várias raças do patógeno, pelo fato da especificidade de raças de muitos dos genes após cada ciclo de cruzamento (YAMANAKA et al., 2013). O melhoramento convencional procura combinar simultaneamente características de interesse, por meio dos processos de seleção (BATISTA, 2008; MAIA et al., 2009; PELUZIO et al., 2009).

Estão referenciados na literatura alguns genes de resistência a ferrugem asiática que foram encontrados em introduções de plantas (PIs). Com o auxílio de marcadores moleculares, os genes Rpp's já foram mapeados. Os genes dominantes nomeados como: Rpp1 encontrado na PI200492 – “Komata” e mapeado no grupo de ligação (GL) 18 (G) (MCLEAN; BYTH, 1980), o Rpp2 presente no acesso PI230970 foi mapeado no GL 16 (J) (BROMFIELD; HARTWIG, 1980), o Rpp3 foi mapeado no GL 6 (C2) encontrado na PI462312 – “Ankur”(HARTWIG; BROMFIELD, 1983), os genes Rpp4 e Rpp6 encontrados nos acessos PI459025 – “Bing Nan” e PI567102, respectivamente, no GL 18 (G) (HYTEN et al., 2006; VUONG et al., 2016), além de um gene recessivo, o Rpp5 identificado na PI200456, no GL 3 (N) (GARCIA et al., 2008). Mais recentemente um novo gene de resistência foi identificado no GL 19 na PI 605823, nomeado de Rpp7 (CHILDS et al., 2018). A dificuldade de obter genótipos resistentes, está na grande variabilidade genética do patógeno, o que dificulta a obtenção de cultivares com resistência efetiva por um longo período. Muitos trabalhos relatam a grande variabilidade existente em populações de *P. pachyrhizi*, principalmente no Brasil, em que a partir de marcadores moleculares verificou-se a variabilidade genética desse fungo no país (TSCHURTSCHENTHALER et al., 2012; YAMANAKA et al., 2010). Devido a essa grande variabilidade de isolados, a ação destes genes pode ser facilmente superada, como ocorreu com os genes Rpp1 e Rpp3 que tiveram a resistência superada no Brasil, logo no segundo ano após o aparecimento da doença no país (SILVA et al., 2008).

A resistência horizontal é outro mecanismo genético importante e, geralmente, é conferida por vários genes de efeitos secundários, característica quantitativa, sendo comumente interpretada como uma herança poligênica e é efetiva contra muitas raças do patógeno, esse tipo de resistência não protege a planta da infecção pela doença, porém reduz a taxa de desenvolvimento da doença (VAN DER PLANK, 1966), além de ser mais estável, pois para que o patógeno possa superá-la, ele precisaria de mutações em vários locos. No entanto, ela é pouco explorada nos programas de melhoramento, por conta de seu controle poligênico e a dificuldade de avaliação e quantificação da taxa de desenvolvimento da doença por ser muito afetada pelo ambiente (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995).

Por esse motivo, o objetivo geral desse trabalho foi avaliar linhagens elite de soja, originadas de cruzamentos entre genitores adaptados e exóticos, em três locais contrastantes, na safra de 2017/2018, visando a seleção de linhagens resistentes a ferrugem asiática da soja, com altas produtividades e com características agrônômicas favoráveis.

Referências

ALVES, S.; FURTADO, G. Influência das condições climáticas sobre a ferrugem da soja. **Ferrugem asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda, p. 37–59, 2006.

- ALZATE-MARIN, A. L. et al. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30, n. 4, p. 333–342, ago. 2005.
- BATISTA, C. E. DE A. **Mapeamento de genes associados à resistência da soja a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*)**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 18 jun. 2008.
- BROMFIELD, K. R.; HARTWIG, E. E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, v. 20, n. 2, p. 254–255, 1980.
- CAMARGO, L. E. ; BERGAMIN FILHO, A. **Manual de fitopatologia**. 5. ed. Piracicaba: Agronomica Ceres, 1995.
- CHILDS, S. P. et al. Discovery of a seventh Rpp soybean rust resistance locus in soybean accession PI 605823. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 1, p. 27–41, 4 jan. 2018.
- CHUNG, W.-H. et al. Population Structure and Domestication Revealed by High-Depth Resequencing of Korean Cultivated and Wild Soybean Genomes. **DNA Research**, v. 21, n. 2, p. 153–167, 1 abr. 2014.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/monitoramento-agricola>>. Acesso em: 21 out. 2018.
- DALL' AGNOL, A. et al. O complexo agroindustrial da soja brasileira. **Embrapa Soja. Circular técnica**, 2007.
- ESPOLADOR, F. G. **Reação à ferrugem de linhagens obtidas de cruzamentos entre genitores adaptados e exóticos de soja**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 2 jun. 2017.
- GARCIA, A. et al. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 4, p. 545–553, 28 ago. 2008.
- GOELLNER, K. et al. *Phakopsora pachyrhizi*, the causal agent of Asian soybean rust. **Molecular Plant Pathology**, v. 11, n. 2, p. 169–177, mar. 2010.
- HARTMAN, G. L.; MILES, M. R.; FREDERICK, R. D. Breeding for Resistance to Soybean Rust. **Plant Disease**, v. 89, n. 6, p. 664–666, 5 jun. 2005.
- HARTWIG, E. E.; BROMFIELD, K. R. Relationships Among Three Genes Conferring Specific Resistance to Rust in Soybeans1. **Crop Science**, v. 23, n. 2, p. 237, 1983.
- HYTEN, D. L. et al. Impact of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. v. 103, n. 45, p. 16666–16671, 7 nov. 2006.
- JULIATTI, F.; POLIZEL, A.; JULIATTI, F. Manejo integrado de doenças na cultura da soja. **Uberlândia: Composer**, p. 327, 2004.
- LI, S. et al. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI 567102B. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 1, p. 133–142, 29 jun. 2012.
- MAIA, M. C. C. et al. Seleção de linhagens experimentais de soja para características agronômicas e tolerância a insetos. **Bragantia**, v. 68, n. 1, p. 85–97, 2009.
- MATTA, L. B. DA. Melhoramento genético da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) para baixo teor de ácido linolênico. 25 fev. 2008.
- MCLEAN, R.; BYTH, D. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybeans. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 31, n. 5, p. 951, 1980.
- MONTEIRO, A. L. et al. Resistência genética de plantas a patógenos. 20 nov. 2018.

- MORCELLI, T. G. S. et al. Identificação e validação de marcadores microssatélites ligados ao gene Rpp5 de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1525–1531, nov. 2008.
- PELUZIO, J. M. et al. Genetic variability among soybean cultivars, under different edaphoclimatic conditions, in center south region of the state of Tocantins. **Applied Research & Agrotechnology**, v. 2, n. 3, p. 21–40, 2009.
- PRIOLLI, R. H. G. et al. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 2, p. 185–193, 2002.
- REIS, E.; BRESOLIN, A.; CARMONA, M. Doenças da soja I: Ferrugem asiática. **Passo Fundo: Universidade de Passo Fundo**, 2006.
- RIBEIRO, A. S. et al. Genetic control of Asian rust in soybean. **Euphytica**, v. 157, n. 1–2, p. 15–25, 27 set. 2007.
- SILVA, D. C. G. et al. Molecular mapping of two loci that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 1, p. 57–63, 8 jun. 2008.
- TSCHURTSCHENTHALER, N. N. et al. Variabilidade genética de *Phakopsora pachyrhizi* avaliada por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 181–186, fev. 2012.
- UNFRIED, J. R. **Estratégias para seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem e associações com outras doenças**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 24 jul. 2007.
- VAN DER PLANK, J. E. Horizontal (polygenic) and vertical (oligogenic) resistance against blight. **American Potato Journal**, v. 43, n. 2, p. 43–52, fev. 1966.
- VELLO, N. A.; FEHR, W. R.; BAHRENFUS, J. B. Genetic Variability and Agronomic Performance of Soybean Populations Developed from Plant Introductions1. **Crop Science**, v. 24, n. 3, p. 511, 1984.
- VIEIRA GODOY, C. et al. **DOENÇAS DA SOJA (*Glycine max* (L.) Merrill)**. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/125697/1/DoencasdaSoja.pdf>>. Acesso em: 18 dez. 2018.
- VUONG, T. D. et al. Molecular Characterization of Resistance to Soybean Rust (*Phakopsora pachyrhizi* Syd. & Syd.) in Soybean Cultivar DT 2000 (PI 635999). **PloS one**, v. 11, n. 12, p. e0164493, 2016.
- WOJCIECHOWSKI, M. ; MAHN, J.; JONES, B. **Fabaceae. Legumes. The Tree of Life Web Project**. Disponível em: <<http://tolweb.org/Fabaceae/21093/>>. Acesso em: 1 dez. 2018.
- YAMANAKA, N. et al. Development of classification criteria for resistance to soybean rust and differences in virulence among Japanese and Brazilian rust populations. **Tropical Plant Pathology**, v. 35, n. 3, p. 153–162, jun. 2010.
- YAMANAKA, N. et al. Resistance to Asian soybean rust in soybean lines with the pyramided three Rpp genes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 75–82, mar. 2013.
- YORINORI, J. T.; LAZZAROTTO, J. J. Situação da ferrugem asiática da soja no Brasil e na América do Sul. **Embrapa Soja. Documentos**, 2004.

2. SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA OBTIDAS DO CRUZAMENTO ENTRE GENITORES ADAPTADOS E EXÓTICOS.

RESUMO

A cultura da Soja é de extrema importância econômica no Brasil, sendo a cultura mais cultivada no país. Os programas de melhoramento trouxeram grande contribuição para o desenvolvimento de cultivares de soja com alta produtividade e mais adaptadas as diferentes condições de cultivo. Para continuar obtendo sucesso, o melhoramento depende da variabilidade genética e da estimação de parâmetros genéticos que auxiliam em uma seleção mais eficiente. A seleção visando altas produtividades ocasionou o estreitamento da base genética da cultura da soja, por isso é importante introduzir fontes exóticas de maneira gradativa por meio de programas de pré-melhoramento. Portanto, esse trabalho teve como objetivos estimar os parâmetros genéticos para produtividade e caracteres de interesse agrônomo de linhagens de soja, provenientes do cruzamento de cultivares adaptadas com PIs (Introduções de plantas), que contêm genes de resistência a ferrugem, em três locais; estimar o coeficiente de correlação entre os caracteres avaliados; e realizar a seleção de genótipos superiores com base em altas produtividades. A população utilizada nesse trabalho é composta por 299 linhagens de soja, oriundas do cruzamento de materiais adaptados com exóticos, e cinco testemunhas comerciais, avaliados em três locais contrastantes na safra 2017/2018. O delineamento foi realizado em alfa-látice 16x19 com duas repetições. Os genótipos foram avaliados com base nos seguintes caracteres: Número de dias para o florescimento (NDF), Número de dias para a maturidade (NDM), Altura da planta na maturidade (APM), Valor agrônomo (VA), Acamamento (AC), Massa de cem sementes (MCS) e Produtividade de grãos (PG). Para cada característica, os componentes da variância foram estimados usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos de cada indivíduo foram estimados pelo procedimento de melhor predição linear não viesada (BLUP). Também foram estimados os parâmetros de herdabilidade, correlação e ganho com a seleção. Foram selecionados os indivíduos que obtiveram média de PG superior a 1700 kg.ha⁻¹. Foi observado variabilidade entre os genótipos avaliados neste estudo. A variância residual foi bastante expressiva para a maioria dos caracteres avaliados, refletindo em baixas estimativas de herdabilidades, indicando que em próximos estudos seja considerado um número maior de repetições. Exceto para MCS, a variância do ambiente, superou a variância genética e da interação, indicando que o ambiente tem grande influência nas características avaliadas. A maioria das correlações foram significativas favorecendo a seleção de genótipos de altas produtividades, porém não apresentaram altas magnitudes, inviabilizando a seleção indireta, portanto para a seleção das melhores linhagens é recomendado a seleção conjunta para todos os caracteres. A seleção baseada em altas produtividades gerou ganhos satisfatórios para as demais características, destacando-se as linhagens LQ 8, LQ 216, LQ 239 e LQ 215, que apresentaram valores genotípicos favoráveis para todas os caracteres avaliados. Os genótipos LQ 8, LQ 239, LQ 155 e LQ 215 apresentaram bom desempenho nos três ambientes avaliados.

Palavras-chave: *Glycine max*; Herdabilidade; Ganho de seleção; Variabilidade

ABSTRACT

The soybean has been extreme importance in the economy in Brazil, being the most planted crop in the country. The breeding programs brought a great contribution to the development of soybean cultivars with high levels of productivity and more adapted to the different cultivation conditions. In order to continue achieving success, the improvement depends on the genetic variability and the estimation of genetic parameters that assist in a more efficient selection. Selection for high yields has narrowed the genetic basis of soybean, so it is important to introduce exotic sources gradually through pre-breeding programs. Thus, this study aimed was to estimate the genetic parameters for yield and characters of agronomic interest of soybean lines from the crosses between adapted parents and PIs (Plant Introductions), which contains rust resistance genes at three sites; to

estimate the correlation coefficient between the evaluated characters; and selection of superior genotypes based on high yields. The population used in this study is composed of 299 soybean lines and five commercial checks, evaluated in three contrasting sites in the 2017/2018 season. The design was an alpha-lattice 16x19 with two replications. The genotypes were evaluated based on the following characters: Number of days to flowering (NDF), Number of days to maturity (NDM), Plant height at maturity (PHM), Agronomic value (AV), lodging (L), 100 seed weight (HSW) and grain yield (GY). For each trait, the components of variance were estimated using the Restricted maximum likelihood method (REML) and genotypic values of each individual were estimated by the best linear unbiased prediction procedure (BLUP). The parameters of heritability, correlation, and gain selection were also estimated. Individuals who obtained an average yield of more than 1700 kg.ha⁻¹ were selected. Variability was observed among the genotypes evaluated in this study. The residual variance was quite expressive for most of the evaluated traits, reflecting low heritability estimates, indicating that in future studies a greater number of replications would be considered. Except for MCS, the environment variance was bigger than a genetic variance and the interaction, indicating that the environment has a great influence on the expression of these characteristics. Most correlations were significant favoring the selection of genotypes of high yields, but did not present high magnitudes, rendering unviable indirect selection, therefore for the selection of the best lineages, it is recommended to joint selection for all the characters. The selection based on high yields generated satisfactory gains for the other characteristics, especially the lines LQ 8, LQ 216, LQ 239 and LQ 215, which presented favorable genotypic values for all evaluated characters. The genotypes LQ 8, LQ 239, LQ 155 and LQ 215 presented good performance in the three environments.

Keywords: *Glycine max*; Heritability; Selection gain; Variability

2.1. Introdução

A cultura da Soja é de extrema importância econômica no Brasil, sendo a cultura mais plantada no país. Na última safra foram cultivados 35,1 mil hectares, esse número é 3,6% superior à safra de 2016/2017 (CONAB, 2018). O grande desafio da agricultura brasileira é aumentar a produção das culturas sem precisar da incorporação de novas áreas. A média de produtividade da soja na safra 2017/2018 foi de 3,36 mil kg por hectares, esse valor é bem mais elevado do que o obtido há alguns anos atrás, porém ele pode aumentar ainda mais.

A produtividade da soja no Brasil vem aumentando a cada safra em virtude da melhoria das técnicas de manejo e principalmente pelo uso de cultivares melhoradas e mais adaptadas a cada condição de cultivo (PELUZIO et al., 2009). Nos dias atuais a soja é cultivada em praticamente todas as regiões do Brasil, fato que acaba dificultando o trabalho do melhorista, pois é preciso desenvolver cultivares específicas para cada região produtora.

Há um consenso bastante geral entre os melhoristas de plantas de que as interações entre o genótipo e o ambiente têm uma influência importante no desenvolvimento de variedades superiores. No melhoramento de plantas, as variedades com melhor desempenho são muitas vezes diferentes de um ambiente para outro. Esse fenômeno é chamado de interações genótipo $\times$ ambiente. Por isso, em programas de melhoramento que visam o lançamento de cultivares superiores, as diversas variedades são avaliadas em vários ambientes (BUENO et al., 2013; MAHBUB et al., 2015).

A seleção baseada em uma característica específica como resistência a insetos-praga pode resultar em genótipos menos produtivos (MAIA et al., 2009), devido aos alelos envolvidos na resistência se apresentarem em pleiotropia ou desequilíbrio de ligação com alguns alelos que controlam a produtividade, o que evidencia a importância da seleção ser baseada em diversas características de interesse, resultando assim em genótipos com níveis de produtividade que atendam às exigências do mercado, além de resistência e boas características agrônômicas (SANDOYA et al., 2010).

No passado, a seleção se baseava somente em altas produtividades, porém isso ocasionou o estreitamento da base genética da cultura da soja, como a perda de alelos de interesse, gerando a vulnerabilidade genética e como consequência, esse incremento em produtividade pode estagnar nos próximos anos. Em vista disso, é importante que os programas de melhoramento introduzam nos cruzamentos, plantas que contenham alelos de interesse. Na literatura podem ser encontrados muitos trabalhos mostrando a existência de fontes potenciais de resistência, que são as introduções de plantas (PIs) (PRIOLLI et al., 2002; WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Geralmente, as PIs são materiais exóticos, que apresentam baixa produtividade e características agronômicas não desejadas, por isso devem ser introduzidas de maneira gradativa por meio de programas de pré melhoramento.

O sucesso de um programa de melhoramento depende da variabilidade da população em estudo e também do potencial genético dos materiais, possibilitando o ganho com a seleção de genótipos superiores (COSTA et al., 2008). Alguns parâmetros genéticos associados às características de interesse, como a herdabilidade, o coeficientes de correlação e variâncias genotípicas, fenotípicas e ambientais, possibilitam o entendimento da natureza dos genes envolvidos no controle de caracteres de interesse e permite definir a melhor estratégia para conduzir o melhoramento de uma determinada população (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Portanto, esse trabalho teve como objetivos estimar os parâmetros genéticos para produtividade de grãos e caracteres de interesse agrônômico em linhagens de soja, provenientes do cruzamento entre cultivares adaptadas com PIs, que contem genes de resistência a ferrugem, em diferentes ambientes; estimar o coeficiente de correlação entre os caracteres avaliados; e realizar a seleção de genótipos superiores com base em alta produtividade.

2.2. Material e métodos

2.2.1. Fenotipagem em campo

A população utilizada nesse trabalho é composta por 299 linhagens de soja, oriundas do Programa de Melhoramento de Soja do Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP). Essas linhagens são provenientes de populações sintetizadas envolvendo as cultivares comerciais BRS-133, CD-215, Conquista, Dowling, IAC-100 e Pintado, recombinadas com outros genótipos fontes de resistência a ferrugem asiática da soja. As fontes de resistência utilizadas foram as PIs (PI - *plant introduction*): PI 200487 (Kinoshita), PI 471904 (Orba) e PI 200526 (Shiranui) portadoras do gene *Rpp5* e a PI 459025 (Bing Nan) portadora do gene *Rpp4*. Foram utilizadas como controle cinco testemunhas comerciais: IAC 100, CD-215, AS3730, Produza e NS7300. As progênies resultantes desses cruzamentos foram recombinadas com 9 populações do programa que possuem variabilidade para resistência a percevejo. Esses genótipos sofreram dois ciclos de seleção para resistência ao complexo de percevejos da soja e um ciclo de seleção para produtividade de grãos.

As 299 linhagens e 5 testemunhas foram avaliadas na safra 2017/2018 em três ambientes contrastantes.

- Local 1: O experimento foi conduzido no campo experimental do departamento de Genética da ESALQ/USP, em Piracicaba-SP. Foram realizados todos os tratos culturais recomendados para a cultura, com exceção da aplicação de fungicidas para controle de doenças, que não foi realizada. A semeadura foi realizada no dia 07 de novembro de 2017.

- Local 2: O experimento foi conduzido na estação experimental de Anhumas-SP, pertencente ao mesmo departamento. Foram realizados todos os tratos culturais recomendados para a cultura, com exceção da aplicação de

fungicidas para controle de doenças, que não foi realizada. A semeadura foi realizada no dia 05 de dezembro de 2017.

- Local 3: O experimento foi conduzido na estação experimental de Anhumas-SP. Essa área foi cultivada em condições de estresse elevado, sem adubação e sem o controle de doenças e pragas. A semeadura foi realizada no dia 24 de novembro de 2017.

A cidade de Piracicaba tem altitude média de 554 m, classificação climática de Koeppen: Cwa, temperatura média anual de 21,6 °C, pluviosidade média anual de 1328,1 mm, latitude de 22°25'e longitude 47° 22'. O Distrito de Anhumas, pertencente a Piracicaba-SP, tem altitude média de 445 m, classificação climática de Koeppen: Aw, temperatura média anual de 22,8 °C, pluviosidade média anual de 1290,7 mm, latitude de 22°10'e longitude 51° 13'.

Nos três experimentos o delineamento foi realizado em alfa-látice 16x19 com duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de 5 metros de comprimento (com exceção Local 3, em que as parcelas foram de 4 metros), com espaçamento de 0,5 metros entre linhas e densidade de semeadura de 18 sementes por metro, considerando como parcela útil apenas as duas linhas centrais.

Os genótipos foram avaliados com base nos seguintes caracteres:

1. Número de dias para o florescimento (NDF): Número de dias da semeadura até o florescimento de 90% da parcela;
2. Número de dias para a maturidade (NDM): Número de dias da semeadura até 95% das vagens maduras em 90% da parcela;
3. Altura da planta na maturidade (APM): Médias das cinco plantas centrais da parcela, medidas do solo ao final da haste em cm;
4. Valor agrônômico (VA): Avaliado na maturidade da planta com base em uma escala de notas visuais de 1 a 5, sendo 1 para planta com baixo valor agrônômico e 5 para planta com excelentes características agrônômicas (grande número de vagens, altura maior que 70 centímetros, alto vigor, sem acamamentos, ausência de retenção foliar e hastes verdes, vagens sem deiscência e ausência de sintomas de doenças).
5. Acamamento (AC): Avaliado na maturidade com base em uma escala de notas visuais de 1 a 5, sendo 5 para planta totalmente acamada e 1 para planta ereta;
6. Massa de cem sementes (MCS): Massa de 100 sementes em gramas (g), de uma amostra ao acaso após umidade padronizada.
7. Produtividade de grãos (PG): Massa total das sementes produzidas na parcela, convertida em quilogramas por hectare (kg.ha-1);

2.2.2. Análise de dados

Todas as análises estatísticas foram realizadas usando o software R **versão** 1.1.423 para Windows (R Core Team 2017). Para cada característica, os componentes da variância fenotípica foram estimados a partir da análise de variância usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) (PATTERSON, 1997). O pacote “lme4” foi usado para estimar os componentes de variância, através do comando “lmer” (BATES et al., 2015). Para cada característica avaliada foi realizada a análise conjunta, considerando os três ambientes, pelo modelo estatístico abaixo:

$$y_{ijkl} = \mu + G_i + A_j + R_k(A_j) + B_l(A_j R_k) + G_i * A_j + \varepsilon_{ilkj}$$

y_{ilkj} é o fenótipo referente ao genótipo i , no bloco l , da repetição k , no ambiente j ;

μ é a média geral;

G_i é o efeito do genótipo i ;

A_j é o efeito do ambiente j ;

R_k é o efeito da repetição k para cada local j , com $k = 1$ e 2 ;

B_l é efeito do bloco l dentro da repetição k , para cada ambiente j ;

$G_i * A_j$ é o efeito da interação genótipo x ambiente; e

ε_{ilkj} é o erro experimental aleatório.

Todos os termos do modelo foram tratados como aleatórios.

Os melhores preditores lineares não viesados (BLUPs) de cada genótipo foram estimados para cada uma das características avaliadas, utilizando o mesmo modelo usado para estimar os componentes de variância. O comando de efeito aleatório “ranef” no pacote lme4 foi usado para estimar os BLUPs para todos os termos do modelo (BATES et al., 2015).

A herdabilidade média dos genótipos foi calculada com base nos seguintes estimadores, como proposto por Piepho e Möhring (2007):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_i^2}{nAmb} + \frac{\sigma_e^2}{nAmb \times nRep}}$$

σ_g^2 variância genética

σ_i^2 variância da interação GxA;

σ_e^2 variância residual.

$nAmb$ o número de ambientes em que os experimentos foram avaliados;

$nRep$ o número de repetições em cada local.

A partir das predições dos BLUPs de cada genótipo, foram realizadas correlações de Pearson entre os caracteres avaliados, que se referem as estimativas das correlações genéticas entre eles:

$$r(xy) = \frac{Cov(x, y)}{\sigma_x \sigma_y}$$

Em que:

$Cov(x, y)$: covariância entre os caracteres x e y ;

σ_x : desvio padrão do caráter x ;

σ_y : desvio padrão do caráter y .

A seleção foi baseada nas médias preditas pelo BLUP da produtividade de grãos, para todos os locais. A superioridade dos indivíduos selecionados em relação a todos os indivíduos da população, diferencial de seleção (ds), é estimado por:

$$ds = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

Em que:

$\bar{X}_s$: Média predita pelo BLUP das linhagens selecionadas;

$\bar{X}_o$: Média predita pelo BLUP da população original.

Portanto o Ganho esperado com a seleção (GS) pode ser obtido pela seguinte expressão:

$$GS = h^2 ds$$

2.3. Resultados e Discussões

2.3.1. Parâmetros genéticos

Na Tabela 1 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características estudadas pela máxima verossimilhança restrita (REML). Os valores do coeficiente de variação (CV) se apresentam abaixo de 20%, indicando boa precisão ambiental. Segundo Pimentel-Gomes (2009), são considerados baixos, quando valores de CV inferiores a 10%, médios quando estão entre 10 a 20% e alto quando superiores a 30%. Para os caracteres AC, MSC e PG, o CV foi superior a 10%, o que pode ser explicado pela complexidade desses caracteres e por serem altamente influenciado pelo ambiente. Porém, alguns estudos mostram que, o coeficiente de variação (CV) que é utilizado para indicar a precisão do experimento, não é o mais indicado para essa avaliação. A acurácia seria o parâmetro mais indicado para avaliar a confiabilidade dos dados, pois correlacionam o valor genotípico verdadeiro e o valor que foi estimado a partir dos dados obtidos (CARGNELUTTI FILHO; STORCK, 2007; RESENDE; DUARTE, 2007; STORCK; SILVA, 2014). Em programas de melhoramento é desejável valores de acurácia acima de 70%. Nesse experimento, apenas para os caracteres NDM, VA e AC obtiveram valores de acurácia moderado. Para as outras características os valores foram acima de 70%, indicando uma boa precisão experimental, permitindo boa segurança na seleção de genótipos superiores.

O uso do modelo aleatório possibilita estimar os componentes de variância e também parâmetros genéticos que são de extrema importância para o conhecimento do controle genético das características de interesse em um programa de melhoramento, como a herdabilidade e o ganho de seleção.

A existência de variância genotípica (σ_g^2) é uma estimativa importante para verificar se existe variabilidade na população. É possível observar que, exceto para MCS, a variância do ambiente (σ_a^2), superou a σ_g^2 e a variância da interação (σ_l^2), indicando que o ambiente tem grande influência nas características avaliadas e a baixa variância genotípica pode ser explicada pelos ciclos de seleções para genótipos mais produtivos e resistentes a percevejo, diminuindo a variabilidade da população.

A variância da interação genótipos x ambientes (σ_l^2) indica a porção da variação total observada entre os genótipos que é devido a esse fator, quando de baixa magnitude significa que a interação tem pouca influência no fenótipo, portanto esses genótipos tendem a ter maior grau de adaptabilidade/estabilidade genética podendo

responder favoravelmente a variações ambientais. Entre os caracteres avaliados a variância da interação foi maior do que a genotípica para NDM, VA e AC, enquanto que para as outras características a variância genética foi de maior magnitude, nesse contexto, um genótipo com maior média para uma característica particular em um local tende a manter desempenho semelhante em outros locais com condições climáticas semelhantes, pois os genótipos respondem de forma favorável às influências ambientais e alta previsibilidade contra variações ambientais.

Apenas para o caráter MSC a variância dos efeitos genotípicos ($\sigma_g^2 = 1,95$) apresentou maior magnitude que os outros efeitos do modelo, levando a uma alta estimativa de herdabilidade, revelando que o controle genético dessa característica é predominantemente genético, possibilitando assim a obtenção de ganhos com a seleção. Já para as outras características, o efeito residual foi bastante expressivo, que é refletido na baixa estimativa de herdabilidade, portanto é indicado que em próximos estudos um número maior de repetições seja considerado.

As estimativas de herdabilidade são uma indicação de sucesso para o melhorista, quanto maior for o seu efeito maior será a proporção de variação observada que será transmitida aos descendentes, ou seja, a proporção da variação total que é devido a causas genéticas e não ambientais. Para os genótipos avaliados neste estudo a herdabilidade variou de 24% para VA a 92% para MCS. Menores valores de herdabilidade, geralmente estão relacionados a caracteres complexos, controlados por vários genes (BUENO et al., 2013), muito influenciados pelo ambiente, dificultando assim, a seleção de materiais superiores, pois a correlação entre o genótipo e fenótipo é pequena.

Altos valores de herdabilidade foram encontrados para MCS ($h^2 = 0,91$) e NDF ($h^2 = 0,74$), valores semelhantes foram encontrados por Santos (SANTOS, 2012). Estes resultados mostram que a seleção realizada com base nesses caracteres é bastante efetiva.

Para NDM, VA e AC as estimativas de herdabilidade foram de baixa magnitude, 28%, 24% e 35% respectivamente. Costa (2008) estudando esses mesmos caracteres em diferentes cruzamentos de soja, obteve estimativas de herdabilidades próximas a esses valores. Para essas características, de baixa herdabilidade, a seleção não é efetiva quando realizada em gerações iniciais de endogamia (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A característica alvo de seleção em programa de melhoramento genético é a PG. Busca-se cultivares que tenham alta produtividade juntamente com boas características agronômicas. Nesse estudo 49% de toda a variação fenotípica da população é devido a causas genéticas, esse valor é semelhante ao obtido por Moreira (2015), utilizando a mesma população, que obteve herdabilidade de 54%. Porém inferior ao encontrado por Santos (2012), que pode ser explicado pela alta contribuição da variância genética que os autores obtiveram nesse estudo. Geralmente valores de herdabilidade para PG são de moderados a baixos, por conta da natureza quantitativa do caráter e a forte influência ambiental.

É importante ressaltar que a herdabilidade de uma determinada característica, não é um parâmetro imutável, sua estimativa depende de vários fatores como a população em estudo, as condições ambientais às quais os indivíduos foram submetidos, a amostragem e os parâmetros utilizados para estimá-la, é possível aumentar a h^2 , utilizando populações com altas variâncias genéticas e melhorar as condições experimentais, diminuindo assim a influência do ambiente no fenótipo (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Por isso comparações de h^2 obtidas por diferentes pesquisadores para o mesmo caráter devem ser realizadas com restrições. Apesar das diferenças encontradas nas h^2 , a amplitude das estimativas apresentadas na literatura apresenta valores semelhantes, em geral características de herança complexa apresentam baixos a médios valores de herdabilidade, enquanto aquelas menos complexas, apresentam h^2 mais elevada. Estimar a herdabilidade dos caracteres é de extrema importância em

programas de melhoramento genético, uma vez que possibilita estimar o ganho com a seleção antes que ela seja realizada, permitindo escolher o método de seleção mais eficiente para determinada característica.

Tabela 1. Componentes de variância, média, CV (coeficiente de variação), h^2 (herdabilidade) e $\hat{r}_{aa}$ (acurácia seletiva) para os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agronômico em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade de grãos em kg ha⁻¹) avaliados em linhagens de soja, em três ambientes no ano agrícola de 2017/2018.

Estatística	NDF	NDM	VA	AC	APM	MCS	PG
σ_g^2	4.13	3.06	0.03	0.05	19.22	1.95	26122
σ_a^2	7.31	45.11	0,22	0,91	191.25	1,81	1063092
σ_i^2	1.58	8.2	0.12	0.14	13.34	0.11	7044
σ_e^2	5.62	31.67	0.37	0.36	82.85	0.85	149125
Média	56.20	123.25	3.23	1.95	82.23	9.8	1548.11
CV	3.62	1.42	5.77	12.41	5.33	14.24	10.44
h^2	0.74	0.28	0.24	0.35	0.51	0.91	0.49
$\hat{r}_{aa}$	0,86	0,53	0,49	0,59	0,71	0,95	0,7

* σ_g^2 : variância genética; σ_a^2 : variância de ambiente; σ_i^2 : variância da interação Genótipo x Ambiente; e σ_e^2 : variância residual.

2.3.2. Correlação entre os caracteres

A compreensão da relação entre as características é de grande interesse para o melhoramento, principalmente em características que apresentam baixa herdabilidade e difíceis de serem mensuradas. Correlações fenotípicas entre caracteres podem ser mensurados diretamente (FALCONER; MACKAY, 1996) e, embora as correlações tenham causas genéticas e ambientais, apenas as correlações genéticas são hereditárias e podem ser usadas de maneira efetiva em programas de melhoramento (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012).

Na Tabela 2 estão apresentadas as correlações genotípicas e fenotípicas entre as características estudadas. A maioria das correlações foram significativas, porém nenhuma delas foi de alta magnitude. Correlações positivas indicam a tendência de uma característica aumentar enquanto a outra também aumenta, e correlações negativas indicam a tendência de uma característica aumentar enquanto a outra diminui (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012). Conhecendo o sentido da correlação é possível conseguir ganhos indiretos em um caráter pela seleção de outro.

O valor agronômico é avaliado por meio de uma escala de notas, quando as plantas atingem a maturidade, com base nas características agronômicas gerais da parcela. Genótipos mais altos e bastante produtivos elevam a nota de VA, nesse estudo às correlações com APM, MCS e PG foram significativas, porém bem inferiores aos encontrados por Lopes (2002), que avaliou esses caracteres em diferentes cruzamentos de soja. Plantas eretas facilitam a colheita mecanizada, além de impedir o contato das vagens com o solo, garantindo a qualidade dos grãos, fato que explica a correlação existente entre os caracteres VA e AC (-0,54). Espolador (2017) estudando linhagens de soja provenientes de dialelos com alguns dos genitores utilizados neste estudo, também obteve correlações significativas do valor agronômico com AC e PTG. Outro fator que pode influenciar o valor de VA é o período em que a planta fica no campo, plantas com ciclos maiores tendem a ficar exposta por mais tempo a estresses bióticos e abióticos, diminuindo seu valor agronômico.

Considerando o caráter AC, também foram encontradas correlações negativas para PG e MSC, demonstrando que plantas com menor grau de acamamento tendem a ter uma maior produtividade, sendo um atributo bastante desejado em programas de melhoramento.

Para PG, um fato interessante foi a correlação negativa com NDF e NDM, divergindo de resultados encontrados por diversos pesquisadores (ESPOLADOR, 2017; MOREIRA, 2015; RODRIGUES et al., 2015). Genótipos de ciclo longo tendem a produzir mais do que materiais precoces, porém a população em estudo sofreu sucessivos ciclos de seleção para resistência a percevejo e produtividade, explicando o fato dessa população apresentar correlação negativa para essas características, resultados semelhantes foram obtidos por Arshard (2006) ao avaliar trinta e três genótipos elites de soja. Esse cenário é extremamente favorável em programas de melhoramento de soja, pois é esperado o desenvolvimento de cultivares de alta produtividade e ciclo curto, ficando menos expostas a fatores bióticos e abióticos que diminuem a produtividade e a qualidade de grãos. Hoje, os programas de melhoramento também procuram por genótipos mais precoces, por ser uma alternativa de controle eficiente no manejo para a ferrugem asiática da soja além de reduzir o tempo de exposição dos genótipos ao ataque de percevejos.

Para realização de seleção indireta para altas produtividades, as características a serem selecionadas devem possuir alta correlação com PG, alta estimativa de herdabilidade e apresentar baixa interação Genótipo x Ambiente (KENG et al., 2006). Apesar de muitas correlações serem significativas e todas favorecerem a seleção de genótipos de altas produtividades, nenhuma delas apresenta altas magnitudes, inviabilizando a seleção indireta para esse caráter, portanto para a seleção das melhores linhagens desta população é recomendado à seleção conjunta para todos os caracteres.

Tabela 2. Coeficientes de correlações genotípicas (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agrônomo em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade de grãos em kg ha⁻¹) avaliados em linhagens de soja, em três ambientes no ano agrícola de 2017/2018.

	NDF	NDM	VA	AC	APM	MSC	PG
NDF	-	0,49**	-0,19**	0,25**	0,09ns	-0,46**	-0,49**
NDM	0,46**	-	-0,09ns	0,15**	0,13*	-0,43**	-0,39**
VA	-0,18**	-0,07ns	-	-0,54**	0,14*	0,16**	0,31**
AC	0,24**	0,14*	-0,53**	-	0,17**	-0,22**	-0,19**
APM	0,08ns	0,11*	0,13*	0,18**	-	-0,06ns	-0,09ns
MSC	-0,46**	-0,40**	0,17**	-0,22**	-0,04ns	-	0,45**
PTG	-0,44**	-0,30**	0,30**	-0,19**	-0,06ns	0,44**	-

* Significativo pelo teste t a 0,05 de probabilidade de erro.

** Significativo pelo teste t a 0,01 de probabilidade de erro.

ns Não significativo pelo teste t.

2.3.3. Ganho de seleção

A seleção de genótipos superiores foi baseada na média de produtividade estimada pelo Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP), foram selecionados genótipo que apresentaram média superior a 1.700 kg.ha⁻¹ nos três ambientes avaliados. É importante ressaltar que a média de produtividade encontrada nesse experimento está bem

abaixo da média brasileira, isso se deve as condições de cultivo em que os experimentos foram submetidos, plantio tardio e grande ação de estresses bióticos e abióticos. Os 22 genótipos selecionados e as cinco testemunhas estão apresentados na Tabela 3, com suas respectivas médias preditas pelo BLUP para todos os caracteres avaliados e o ganho de seleção obtido.

A seleção dos genótipos mais produtivos ocasionou a redução do ganho de seleção para NDF e NDM (-1,88 dias e -0,15 dias respectivamente), sendo um ponto positivo para o melhoramento da cultura. Como essa população sofreu dois ciclos de seleção para resistência a percevejo, essa redução, mesmo que pequena, pode ser considerada favorável, pois a cultura ficará exposta por menos tempo às pragas, doenças e condições adversas do ambiente.

O ganho de seleção foi positivo para VA (0,01), o aumento do valor agrônômico é bastante desejado no melhoramento de soja, pois seu valor é refletido nas características gerais da parcela, como número de vagens, altura da planta, ausência de sintomas de doenças, acamamento e ausência de retenção foliar e hastes verdes na maturidade. Como a correlação com produtividade foi positiva e significativa, o ganho com a seleção era esperado, porém foi um ganho baixo, o que pode ser explicado pelo fato da população ter sofrido ciclos de seleção para resistência a percevejo e altas produtividades, selecionando indiretamente genótipos com altos valores de VA.

Para AC o ganho de seleção foi negativo (-0,02), sendo favorável para o melhoramento, pois plantas eretas recebem notas mais baixas de acamamento. Plantas sem acamamento facilitam a colheita mecanizada e reduzem a perda de produtividade e qualidade dos grãos.

O caráter APM obteve um ganho de seleção negativo (-0,32 cm), porém como a correlação com PG não foi significativa, essa redução não terá grande influência na produtividade, além da média de altura da população selecionada ser considerada adequada para genótipos superiores (81,61 cm). É indicado que a altura da planta da soja na maturidade deve estar entre 60 a 120 cm, ideal para a colheita mecanizada (PITOL; BROCH, 2012). Plantas com elevada altura também estão sujeitas a um maior acamamento, podendo ser explicado pela correlação positiva esses dois caracteres.

Outra característica que obteve ganho de seleção positiva foi a MCS (1,21 g), esse ganho de seleção pode ser considerado favorável ou não, dependendo dos objetivos do programa de melhoramento. Quando consideramos resistência ao complexo de percevejo o aumento do valor dessa característica não é desejado, pois o tamanho da semente é um mecanismo de pseudo-resistência, chamado de diluição de danos, em que genótipos com menor MCS, tendem a possuir um grande número de semente por planta, portanto um menor número de sementes danificadas pelo ataque do percevejo (ROSSETO; LARA, 1991). Porém quando consideramos a tolerância à ferrugem, a seleção de sementes maiores é mais favorável para selecionar genótipos mais tolerantes. Espolador (2017), encontrou correlação significativa e positiva entre tolerância a ferrugem e MCS. Portanto, como nesse cultivo não foi realizado controle de doenças para seleção de genótipos mais produtivos e resistentes a ferrugem, o ganho de seleção para MCS foi favorável.

Considerando o caráter PG, alvo da seleção, o ganho foi de 104,7 kg.ha⁻¹, podendo ser considerado alto, mas bem inferior ao obtido por Moreira (2015) estudando essa mesma população. Esse fato pode estar correlacionado as condições de cultivo em que os genótipos foram submetidos, grande pressão de doenças, em todos os locais e em um dos locais, alto ataque de percevejos e ausência de adubação. Devido a essas condições, considera-se que esse ganho foi bastante expressivo.

Na Tabela 3 também observa-se a média das testemunhas utilizadas nesse experimento, sendo possível constatar que sete genótipos, foram mais produtivos que a melhor testemunha (Produza) e a maioria dos genótipos

selecionados possuíram médias maiores que as demais testemunhas. É válido comentar que essas testemunhas são bastante cultivadas nessa região, portanto é possível inferir que a seleção obteve sucesso.

O sucesso de um programa de melhoramento depende de vários fatores, entre eles o sucesso na escolha das técnicas de seleção empregadas, conferindo velocidade no lançamento de genótipos superiores, portanto é essencial que os valores genéticos sejam preditos, possibilitando uma seleção mais acurada.

Tabela 3. Desempenho dos 22 genótipos mais produtivos e das cinco cultivares utilizadas como testemunhas, obtidas a partir da média estimada pelo Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP) para os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agrônômico em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade total de grãos em kg ha⁻¹) avaliados em linhagens de soja, em três ambientes no ano agrícola de 2017/2018.

Genótipos	NDF	NDM	VA	AC	APM	MCS	PG
LQ 8	51.85	120.44	3.40	1.76	81.98	13.64	2066.55
LQ 216	52.01	121.19	3.39	1.67	77.86	12.43	1909.64
LQ 239	53.44	119.05	3.47	1.64	82.96	12.36	1828.22
LQ 215	52.05	122.39	3.38	1.61	78.80	13.13	1805.39
LQ 95	54.21	123.40	3.11	1.91	80.03	11.95	1792.14
LQ 155	51.94	123.11	3.38	1.64	84.65	12.67	1788.99
LQ13	56.98	122.20	3.28	1.95	82.27	12.75	1773.01
LQ 180	54.40	122.73	3.09	2.05	82.39	11.48	1746.62
LQ 207	56.04	123.06	3.22	2.32	86.23	8.70	1741.06
LQ 173	55.61	124.10	3.24	1.87	81.53	9.48	1738.59
LQ 294	54.48	122.81	3.28	1.90	76.28	10.32	1732.06
LQ 195	55.34	122.78	3.18	2.00	77.06	10.55	1729.93
LQ 5	54.73	122.99	3.35	2.15	87.16	10.28	1723.91
LQ 240	54.25	122.56	3.18	1.83	82.75	11.95	1722.11
LQ 224	56.32	123.04	3.37	1.82	85.00	10.21	1718.21
LQ 167	57.42	123.66	3.32	1.92	84.43	8.79	1713.03
LQ 245	56.06	124.24	3.28	1.89	84.09	10.11	1711.14
LQ 278	55.31	123.23	3.11	1.84	78.06	11.01	1710.52
LQ 254	54.04	122.89	3.21	2.03	79.39	12.50	1703.86
LQ 205	53.20	122.55	3.30	1.86	82.37	11.32	1702.54
LQ 134	56.27	123.14	3.27	1.97	80.73	10.24	1701.08
LQ 109	56.77	124.22	3.33	1.87	79.35	9.04	1700.52
Produza	54.10	121.65	3.56	1.67	82.95	17.20	1752.34
NS7300	51.99	122.10	3.35	1.73	81.45	13.39	1715.80
AS 3730	51.05	122.17	3.55	1.60	85.23	13.24	1704.93
CD 215	50.67	121.51	3.34	1.83	79.13	11.45	1619.72
IAC 100	55.96	121.19	3.17	2.02	79.64	8.64	1613.49
μ_s	53.66	122.72	3.28	1.89	81.61	11.13	1761.78
μ_p	56.20	123.25	3.23	1.95	82.23	9.80	1548.11
ds	-2.54	-0.53	0.05	-0.06	-0.62	1.33	213.67
GS	-1.88	-0.15	0.01	-0.02	-0.32	1.21	104.70
GS%	-3.35	-0.12	0.36	-1.14	-0.39	12.37	6.76

* μ_s : média genética predita dos genótipos selecionados; μ_p : média genética predita da população total; **ds**: Diferencial de seleção; **GS**: Ganho de seleção estimado; **GS%**: Ganho de seleção em porcentagem.

Na Tabela 4 é possível observar os efeitos genotípicos (EG) das 22 linhagens de soja selecionadas com base na produtividade. O EG indica a contribuição do genótipo na média geral do experimento para cada característica avaliada, valores positivos indicam que o genótipo contribui de forma a aumentar a média geral, em oposição, valores negativos, diminuem a média geral. Dessa forma, o genótipo LQ 8 contribuiu na redução de dias para o florescimento em 4,34 e a LQ 239 reduz o tempo para a maturidade em 4,19 dias e, apesar do ganho com a seleção ter reduzido a média de NDF e NDM na população selecionada, alguns genótipos contribuíram de forma a aumentar a média geral, como as linhagens LQ 167 e LQ 109. O mesmo ocorreu para VA e AC, sendo observado valores positivos e negativos de EG. O genótipo 239 destaca-se, por ter contribuído expressivamente para o incremento de VA (0,236) e para a redução de AC (0,183). Quando observa-se o caráter APM, a contribuição dos genótipos foi bem variada, destacando-se o genótipo LQ 294 que contribui para a redução de 5,948 cm na altura da planta, enquanto o genótipo LQ 5 contribuiu para o aumento de 4,930 cm. Para o PCS a maioria das linhagens contribuíram positivamente para aumento do tamanho da semente com destaque ao genótipo LQ 8, com incremento de 3,84g na média geral. Como esperado, para o peso total de grãos, todos os genótipos contribuíram de modo a incrementar a média, o que era esperado, pois a seleção foi baseada nesse caráter. Destaca-se também a linhagem LQ 8 que contribuiu com 518,44 kg.ha⁻¹, valor bastante superior aos demais genótipos.

É importante ressaltar que, apesar dos ganhos obtidos para a maioria dos caracteres de interesse no melhoramento com a seleção para PG, alguns genótipos contribuíram de forma desfavorável. Podemos destacar as linhagens LQ 8, LQ 216, LQ 239 e LQ 215, que além de apresentarem contribuições expressivas para o incremento de produtividade, possuem características agronômicas favoráveis para os demais caracteres.

Tabela 4. Efeito genotípico (EG) dos 22 genótipos mais produtivos para os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agrônomo em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade de grãos em kg ha⁻¹) avaliados em linhagens de soja, em três ambientes no ano agrícola de 2017/2018.

Genótipos	NDF	NDM	VA	AC	APM	PCS	PG
LQ 8	-4,34	-2,80	0,170	-0,183	-0,242	3,84	518,44
LQ 216	-4,18	-2,05	0,164	-0,276	-4,365	2,63	361,53
LQ 239	-2,76	-4,19	0,236	-0,300	0,735	2,56	280,11
LQ 215	-4,15	-0,85	0,148	-0,330	-3,424	3,33	257,29
LQ 95	-1,99	0,15	-0,11	-0,034	-2,198	2,15	244,03
LQ 155	-4,26	-0,13	0,148	-0,301	2,427	2,87	240,88
LQ13	0,77	-1,03	0,048	0,003	0,039	2,95	224,90
LQ 180	-1,79	-0,51	-0,14	0,108	0,164	1,67	198,51
LQ 207	-0,15	-0,18	0,00	0,376	4,007	-1,10	192,95
LQ 173	-0,58	0,85	0,008	-0,074	-0,694	-0,33	190,48
LQ 294	-1,72	-0,43	0,047	-0,044	-5,948	0,51	183,95
LQ 195	-0,86	-0,46	-0,04	0,060	-5,169	0,75	181,82
LQ 5	-1,46	-0,25	0,125	0,204	4,930	0,47	175,80
LQ 240	-1,94	-0,68	-0,04	-0,115	0,529	2,15	174,00
LQ 224	0,12	-0,20	0,138	-0,126	2,778	0,41	170,10
LQ 167	1,21	0,42	0,092	-0,027	2,208	-1,01	164,92
LQ 245	-0,13	0,99	0,048	-0,052	1,865	0,30	163,03
LQ 278	-0,88	-0,01	-0,11	-0,101	-4,162	1,20	162,41
LQ 254	-2,15	-0,35	-0,02	0,083	-2,836	2,69	155,75
LQ 205	-2,99	-0,68	0,072	-0,089	0,146	1,51	154,44
LQ 134	0,06	-0,10	0,042	0,021	-1,496	0,44	152,97
LQ 109	0,57	0,97	0,101	-0,073	-2,879	-0,77	152,41

Na tabela 5 é apresentada a média predita pelos BLUPs dos 25 genótipos mais produtivos em cada ambiente e na análise conjunta. Dentre as linhagens mais produtivas na análise conjunta, algumas delas se destacam por apresentarem produtividades elevadas nos três ambientes de cultivo. O Genótipo LQ 8, foi o terceiro mais produtivo no Local 1, o mais produtivo no local 2 e, no local 3, ficou atrás apenas de uma testemunha. Esse genótipo é bastante interessante porque se adaptou a diferentes condições de cultivo, e mesmo quando submetido a fatores bióticos e abióticos extremamente estressantes, como ocorre no Ambiente 3, obteve média de PG de 891,84 kg.ha⁻¹, esse valor é 520,74 kg.ha⁻¹ maior do que a média de produtividade do local. Outros genótipos que também apresentaram resultados expressivos nos 3 locais foram LQ 239, LQ 155 e LQ 215.

Tabela 5. Desempenho médio dos 25 genótipos mais produtivos para todos os ambientes e para cada ambiente em que foram avaliados. As médias foram estimadas pelo Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP).

Genótipo (LQ)	Média Geral	Genótipo (LQ)	Ambiente 1	Genótipo (LQ)	Ambiente 2	Genótipo (LQ)	Ambiente 3
8	2066,552	216	2941,341	8	2040,417	Produza	891,8400
216	1909,645	278	2849,962	29	2019,876	8	864,8202
239	1828,222	8	2822,685	173	1979,175	As 3730	851,0876
215	1805,399	95	2790,838	239	1977,592	78	755,5945
95	1792,148	13	2725,868	82	1971,718	146	705,7528
155	1788,999	155	2703,426	53	1953,476	201	689,8941
13	1773,016	15	2701,540	50	1945,369	CD 215	682,3090
Produza	1752,343	119	2700,917	169	1940,433	303	671,2958
180	1746,627	245	2681,554	167	1940,384	212	657,0742
207	1741,060	219	2677,686	180	1937,266	155	629,5097
173	1738,597	126	2662,258	224	1934,341	215	621,4895
294	1732,065	241	2657,036	267	1933,928	230	616,3914
195	1729,939	205	2656,982	213	1931,641	294	594,7282
5	1723,915	279	2656,930	92	1931,058	198	593,2867
240	1722,116	208	2655,996	215	1927,919	299	591,7959
224	1718,217	239	2655,093	160	1920,566	IAC 100	586,5459
NS7300	1715,802	110	2651,477	104	1918,236	NS7300	583,7254
167	1713,034	73	2649,772	18	1918,097	177	577,4285
245	1711,145	185	2643,653	17	1913,192	197	577,0708
278	1710,520	215	2643,358	123	1911,292	304	573,0913
As 3730	1704,936	134	2642,867	242	1910,799	66	571,3867
254	1703,860	207	2639,483	195	1906,764	175	555,1496
205	1702,549	170	2634,948	56	1902,418	50	548,3409
134	1701,084	225	2629,730	207	1900,351	239	543,0044
109	1700,52	109	2627,282	96	1897,306	162	542,2876

2.4. Conclusão

Com base nos resultados obtidos pode-se concluir que:

Existe variabilidade entre os genótipos avaliados neste estudo.

A variância residual foi bastante expressiva, refletindo em baixas estimativas de herdabilidades, indicando que em próximos estudos seja considerado um número maior de repetições.

Exceto para MCS, a variância do ambiente, superou a variância genética e da interação, indicando que o ambiente tem grande influência nas características avaliadas.

A maioria das correlações foram significativas favorecendo a seleção de genótipos com altas produtividades, porém não são de altas magnitudes, inviabilizando a seleção indireta, portanto para a seleção das melhores linhagens é recomendado a seleção conjunta para todos os caracteres.

A seleção baseada em altas produtividades gerou ganhos satisfatórios para as demais características, destacando-se as linhagens LQ 8, LQ 216, LQ 239 e LQ 215, que apresentaram valores genotípicos favoráveis para todas os caracteres avaliados.

Os genótipos LQ 8, LQ 239, LQ 155 e LQ 215 apresentaram bom desempenho nos três ambientes avaliados.

Referências

- ARSHAD, M.; ALI, N.; GHAFOR, A. Character correlation and path coefficient in soybean *Glycine max*. **Pak. J. Bot.**, v. 38, n. 1, p. 121–130, 2006.
- BATES, D. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using **lme4**. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1–48, 7 out. 2015.
- BUENO, R. D. et al. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 38, p. 4853–4859, 3 out. 2013.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 1, p. 17–24, jan. 2007.
- CELIS, Â. et al. VARIABILIDADE E CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES EM CRUZAMENTOS DE SOJA. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 2, p. 341–348, 2002.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/monitoramento-agricola>>. Acesso em: 21 out. 2018.
- COSTA, M. M. et al. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, v. 67, n. 1, p. 101–108, 2008.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J.; **Modelos Biométricos Aplicados Ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2012.
- ESPOLADOR, F. G. **Reação à ferrugem de linhagens obtidas de cruzamentos entre genitores adaptados e exóticos de soja**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 2 jun. 2017.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Pearson, 1996.
- KENGA, R. et al. Genetic and Phenotypic Association between Yield Components in Hybrid Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) populations. **Euphytica**, v. 150, n. 3, p. 319–326, 6 ago. 2006.
- MAHBUB, M. et al. Genetic Variability, Correlation and Path Analysis for Yield and Yield Components in Soybean. **J. Agric. & Environ. Sci.**, v. 15, n. 2, p. 231–236, 2015.
- MAIA, M. C. C. et al. Seleção de linhagens experimentais de soja para características agronômicas e tolerância a insetos. **Bragantia**, v. 68, n. 1, p. 85–97, 2009.
- MOREIRA, F. F. **Resistência ao complexo de percevejos em linhagens elite de soja**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 25 ago. 2015.
- PATTERSON, H. D. Analysis of series of variety trials. In: **Statistical Methods for Plant Variety Evaluation**. Dordrecht: Springer Netherlands, 1997. p. 139–161.
- PELUZIO, J. M. et al. Genetic variability among soybean cultivars, under different edaphoclimatic conditions, in center south region of the state of Tocantins. **Applied Research & Agrotechnology**, v. 2, n. 3, p. 21–40, 2009.
- PIEPHO, H.-P.; MOHRING, J. Computing Heritability and Selection Response From Unbalanced Plant Breeding Trials. **Genetics**, v. 177, n. 3, p. 1881–1888, 1 nov. 2007.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed. Piracicaba: [s.n.].
- PITOL, C.; BROCH, D. L. Soja: Lavoura mais produtiva e Tolerante à Seca. **14 Encontro Nacional de Plantio Direto na Palha**, p. 140–146, 2012.

- PRIOLLI, R. H. G. et al. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 2, p. 185–193, 2002.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autogamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. 1. ed. Goiânia: UFG, 1993.
- RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. **PRECISÃO E CONTROLE DE QUALIDADE EM EXPERIMENTOS DE AVALIAÇÃO DE CULTIVARES**. Goiânia: Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, 2007. v. 37
- RODRIGUES, B. et al. Correlations between traits in soybean (*Glycine max* L.) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 17718–17729, 2015.
- ROSSETO, J. C.; LARA, M. F. **Diluição de dano, mecanismo de pseudoresistência**. (Sociedade Entomológica do Brasil, Ed.)Congresso brasileiro de Entomologia. **Anais...**Recife: 1991
- SANDOYA, G. et al. Effects of selection for resistance to *Sesamia nonagrioides* on maize yield, performance and stability under infestation with *Sesamia nonagrioides* and *Ostrinia nubilalis* in Spain. **Annals of Applied Biology**, v. 156, n. 3, p. 377–386, 20 abr. 2010.
- SANTOS, M. DA F. **Mapeamento de QTL e expressão gênica associados à resistência da soja ao complexo de percevejos**. Piracicaba: Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da Universidade de São Paulo, 21 jun. 2012.
- STORCK, L.; SILVA, M. S. Precisão experimental de ensaios de trigo analisados pelo método de Papadakis. **Ciência Rural**, v. 44, n. 3, p. 407–413, 2014.
- TEAM, R. CORE. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**Vienna, AustriaFoundation for statistical Computing, , 2017. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biometrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, v. 36, n. 4, p. 547–555, 25 out. 2013.

3. SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA RESISTENTES À FERRUGEM E COM ALTAS PRODUTIVIDADES

RESUMO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas mais importantes no cenário agrícola mundial, sendo a principal oleaginosa produzida no mundo e a cultura mais cultivada no Brasil. Vários fatores bióticos e abióticos impedem que a cultura atinja seu potencial máximo de produtividade, dentre eles, destaca-se a existência de inúmeras doenças que acarretam em reduções significativas de produtividade. Uma das doenças mais agressivas é a ferrugem asiática da soja (FAS), que causa perdas que variam de 10% a 90% nas diferentes regiões onde é encontrada. O desenvolvimento de cultivares de soja resistente é considerado o método mais eficaz de controle da FAS. Porém, ainda não existe cultivares com resistência completa ao patógeno. Por esse motivo, o objetivo desse trabalho foi avaliar linhagens elite de soja, obtidas do cruzamento entre genitores adaptados e exóticos que possuem genes de resistência à ferrugem (*Rpp*), visando a seleção de linhagens com resistência à ferrugem asiática da soja aliadas com altas produtividades. Foram realizados dois experimentos, um em campo e outro em casa de vegetação. No experimento em campo, foram avaliadas 299 linhagens de soja, oriundas do cruzamento de materiais adaptados com exóticos, e cinco testemunhas comerciais, em Anhumas/SP, na safra 2017/2018. O delineamento foi realizado em alfa-látice 16x19 com duas repetições. Os genótipos foram avaliados com base nos seguintes caracteres: Número de dias para o florescimento (NDF), Número de dias para a maturidade (NDM), Altura da planta na maturidade (APM), Valor agrônomo (VA), Acamamento (AC), Massa de cem sementes (MCS), Produtividade de grãos (PG) e severidade da doença (SEV). Para cada característica, os componentes da variância e herdabilidade foram estimados usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos de cada indivíduo foram estimados pelo procedimento de melhor predição linear não viesada (BLUP). No experimento em casa de vegetação, as mesmas 299 linhagens e mais quatro testemunhas, duas resistente (Orba e Bing Nan) e duas suscetíveis (IAC 100 e CD 215), foram avaliadas no delineamento inteiramente ao acaso, com três repetições, sendo cada parcela constituída por uma planta. Três caracteres foram avaliados: Tipo de lesão (RB ou TAN), quantidade de esporos nas lesões na base da planta (QE1) e quantidade de esporos nas lesões na copa da planta (QE2). A maioria dos caracteres avaliados em campo apresentou variância genética menor que a variância residual, determinando a grande influência do ambiente na expressão dessas características, dificultando o ganho com a seleção. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,12 a 0,78, para SEV foi de 0,61, esse valor é intermediário, mostrando que a seleção realizada com base nessa característica pode resultar em genótipos mais resistentes. Para QE1 e QE2, os resultados indicam que existe variabilidade e consequentemente a herdabilidade também apresentou valores elevados. Constatou-se a dificuldade em unir genótipos com bons níveis de resistência a Ferrugem e altas produtividades. Os genótipos LQ 169, LQ 55 e LQ 85 destacam-se por apresentarem esses dois requisitos, sendo promissores para a seleção ou inclusão em cruzamentos visando resistência a ferrugem.

Palavras-chave: *Phakopsora pachyrhizi*; Resistência à doença; Produtividade; Herdabilidade

ABSTRACT

The soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) is one of the most important crops in the world agricultural scenario, being the main oleaginous produced in the world and the most cultivated in Brazil. Several biotic and abiotic factors prevent the crop from reaching its maximum potential of productivity, among them, it is highlighted the existence of numerous diseases that lead to significant reductions in productivity. One of the most aggressive diseases is Asian soybean rust (FAS), which causes losses ranging from 10% to 90% in the different regions where it is found. The development of resistant soybean cultivars is considered to be the most effective method of FAS control. However, there are still no cultivars with complete resistance to the pathogen. For this reason, the objective of this work was to evaluate elite soybean lines obtained from the cross between adapted and exotic

parents that have resistance genes to rust (*Rpp*), aiming at the selection of lines with resistance to soybean Asian rust combined with high yields. Two experiments were carried out, one in the field and the other in a greenhouse. In the field experiment, 299 soybean lines, from the crossing of exotic adapted materials, and five commercial checks were evaluated in Anhumas / SP, in the 2017/2018 season. The design was in 16x19 alpha-lattice with two replicates. The genotypes were evaluated based on the following characters: Number of days to flowering (NDF), Number of days to maturity (NDM), Plant height at maturity (PHM), Agronomic value (AV), lodging (L), 100 seed weight (HSW), grain yield (GY) and disease severity (SEV). For each trait, the components of variance and heritability were estimated using the Restricted maximum likelihood method (REML) and genotypic values of each individual were estimated by the best linear unbiased prediction procedure (BLUP). In the greenhouse experiment, the same 299 lines and four other checks, two resistant (Orba and Bing Nan) and two susceptible (IAC 100 and CD 215), were evaluated in a completely randomized design with three replicates, each plot consisting of one plant. Three characters were evaluated: Type of lesion (RB or TAN), amount of spores in the lesions at the base of the plant (QE1) and amount of spores in the lesions at the crown of the plant (QE2). Most of the characters evaluated in the field presented genetic variance smaller than the residual variance, determining the great influence of the environment on the expression of these characteristics, making it difficult to gain from selection. Heritability estimates ranged from 0.12 to 0.78, for SEV it was 0.61, this value is intermediate, showing that selection based on this characteristic may result in more resistant genotypes. For EQ1 and EQ2, the results indicate that there is variability and consequently the heritability also presented high values. It was verified the difficulty in joining genotypes with good levels of resistance to Rust and high yields. The genotypes LQ 169, LQ 55 and LQ 85 stand out because they present these two requirements, being promising for selection or inclusion in crosses for resistance to rust.

Keywords: *Phakopsora pachyrhizi*; Disease resistance; Yield; Heritability

3.1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas mais importantes no cenário agrícola mundial, sendo a principal oleaginosa produzida no mundo e a cultura mais cultivada no Brasil. A produtividade média da soja no país foi de 3,3 toneladas por hectare na safra 2017/2018 (CONAB, 2018). Vários fatores bióticos e abióticos impedem que a cultura atinja seu potencial máximo, dentre eles, destaca-se a existência de inúmeras doenças que acarretam em reduções significativas de produtividade. No Brasil, cerca de 50 doenças já foram detectadas na cultura da soja, e este número tende a aumentar, devido à prática da monocultura e a crescente expansão das fronteiras agrícolas (MORCELI et al., 2008).

Uma das doenças mais agressivas que atacam a cultura da soja, causando grandes prejuízos aos produtores é a ferrugem asiática da soja (FAS), causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi*, ocasionando perdas que variam de 10% a 90% nas diferentes regiões onde é encontrada. A aplicação de fungicidas é o método que tem sido mais utilizado para controlar a FAS, porém seu uso aumenta substancialmente os custos de produção e, quando não usado de maneira racional, é uma contínua fonte de contaminação ambiental. Os custos com controle da doença e perdas em produtividade no Brasil foram estimados em US\$ 2,2 bilhões por safra (GOELLNER et al., 2010; XAVIER et al., 2015; YAMANAKA et al., 2010).

O melhoramento genético de plantas possui grande importância para resistência a doenças, por ser considerado o método mais barato e eficaz. A alta produtividade e a qualidade de produtos derivados das plantas está intimamente relacionada ao uso de cultivares melhoradas e, em sua maioria, que possuem algum tipo de resistência a doenças. O melhoramento contínuo para altas produtividades, sem levar em conta a reação a doenças, com o passar do tempo, pode eliminar genes importantes que condicionam resistência (MONTEIRO et al., 2018; YORINORI;

LAZZAROTTO, 2004). O desenvolvimento de cultivares de soja resistente é considerado o método mais eficaz de controle da FAS. Porém, ainda não existe cultivares com resistência completa ao patógeno (SILVA et al., 2008).

A utilização de variedades resistentes é uma estratégia de controle extremamente eficaz e reduz os danos causados pela FAS. A resistência vertical é a mais utilizada nos programas de melhoramento devido a sua facilidade de ser trabalhada. Seis genes de resistência já foram identificados em introduções de plantas: *Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4*, *Rpp5*, *Rpp6* e *Rpp7* (BROMFIELD; HARTWIG, 1980; CHILDS et al., 2018; GARCIA et al., 2008; HARTWIG, 1986; HARTWIG; BROMFIELD, 1983; LI et al., 2012; MCLEAN; BYTH, 1980). As reações ocasionadas pela FAS podem ser: lesões alaranjadas (TAN) associadas aos genótipos suscetíveis e lesões avermelhadas (RB) em genótipos resistentes, em alguns casos, a resistência é conferida por uma resposta imune (IM), não apresentando sintomas visíveis (BROMFIELD; HARTWIG, 1980). No entanto, variedades que possuem um único gene de resistência tendem a ser facilmente quebradas, como ocorreu com os genótipos que possuíam os genes *Rpp1* e *Rpp3*, que foram superados no Brasil em 2003 por um novo isolado, mostrando que a eficácia da resistência específica é de curta duração, especialmente em patógenos biotróficos como *P. pachyrhizii*, com alta variabilidade genética (ECHEVESTE DA ROSA, 2015; TSCHURTSCHENTHALER et al., 2012; YAMANAKA et al., 2013).

A resistência horizontal é outro mecanismo genético importante e, que diferente da vertical, e é efetiva contra muitas raças do patógeno, esse tipo de resistência não protege a planta da infecção pela doença, porém reduz a taxa de desenvolvimento da doença além de ser mais estável (VAN DER PLANK, 1966). No entanto, ela é pouca explorada nos programas de melhoramento, por conta de seu controle poligênico e a dificuldade de avaliação e quantificação da taxa de desenvolvimento da doença por ser muito afetada pelo ambiente (CAMARGO; BERGAMIN FILHO, 1995).

Por esse motivo, o objetivo desse trabalho foi avaliar linhagens elite de soja, obtidas do cruzamento entre genitores adaptados e exóticos que possuem genes *Rpps*, visando a seleção de linhagens com resistência a ferrugem asiática da soja aliadas com altas produtividades.

3.2. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1. Fenotipagem para resistência à ferrugem em campo

A população utilizada nesse trabalho é composta por 299 linhagens de soja, oriundas do Programa de Melhoramento de Soja do Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP). Essas linhagens são provenientes de populações sintetizadas envolvendo as cultivares comerciais BRS-133, CD-215, Conquista, Dowling, IAC-100 e Pintado, recombinadas com outros genótipos fontes de resistência a ferrugem asiática da soja. As fontes de resistência utilizadas foram as PI's (PI - *plant introduction*): PI 200487 (Kinoshita), PI 471904 (Orba) e PI 200526 (Shiranui) portadoras do gene *Rpp5* e a PI 459025 (Bing Nan) portadora do gene *Rpp4*. Foram utilizadas como controle cinco testemunhas comerciais: IAC 100, CD-215, AS3730, Produza e NS7300. As progênies resultantes desses cruzamentos foram recombinadas com 9 populações do programa que possuem variabilidade para resistência ao complexo de percevejos da soja. Esses genótipos sofreram dois ciclos de seleção para resistência ao percevejos e um ciclo de seleção para produtividade de grãos.

As 299 linhagens e 5 testemunhas foram avaliadas na safra 2017/2018, o experimento foi conduzido na estação experimental de Anhumas-SP, pertencente ao departamento de Genética da ESALQ/USP. Foram realizados

todos os tratos culturais recomendados para a cultura, com exceção de fungicidas para controle de doenças, que não foi realizada. A semeadura foi realizada no dia 05 de dezembro de 2017. Foi escolhido esse local para a avaliação de severidade da ferrugem, devido a maior pressão do fungo e a semeadura tardia, favorecendo o desenvolvimento da doença.

O Distrito de Anhumas, pertencente a Piracicaba-SP, tem altitude média de 445 m, classificação climática de Koeppen: Aw, temperatura média anual de 22,8 °C, pluviosidade média anual de 1290,7 mm, latitude de 22°10' e longitude 51° 13'.

O delineamento foi realizado em alfa-látice 16x19 com duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 metros entre linhas e densidade de semeadura de 18 sementes por metro, considerando como parcela útil apenas as duas linhas centrais.

Os genótipos foram avaliados com base nos seguintes caracteres:

1. Número de dias para o florescimento (NDF): Número de dias da semeadura até o florescimento de 90% da parcela;
2. Número de dias para a maturidade (NDM): Número de dias da semeadura até 95% das vagens maduras em 90% da parcela;
3. Altura da planta na maturidade (APM): Médias das cinco plantas centrais da parcela, medidas do solo ao final da haste em cm;
4. Valor agrônomo (VA): Avaliado na maturidade da planta com base em uma escala de notas visuais de 1 a 5, sendo 1 para planta com baixo valor agrônomo e 5 para planta com excelentes características agrônômicas (grande número de vagens, altura maior que 70 centímetros, alto vigor, sem acamamentos, ausência de retenção foliar e hastes verdes, vagens sem deiscência e ausência de sintomas de doenças);
5. Acamamento (AC): Avaliado na maturidade com base em uma escala de notas visuais de 1 a 5, sendo 5 para planta totalmente acamada e 1 para planta ereta;
6. Massa de cem sementes (MCS): Massa de 100 sementes em gramas (g), de uma amostra ao acaso após umidade padronizada.
7. Produtividade de grãos (PG): Massa total das sementes produzidas na parcela, em quilogramas por hectare (kg.ha⁻¹);
8. Severidade da doença (SEV): Nota da severidade da ferrugem, com base em uma escala de notas de 1 a 5, em que a nota 1 indica ausência de sintomas de ferrugem e a nota 5 presença severa de sintomas em todo o dossel da planta.

3.2.1.1. Análise de dados

Todas as análises estatísticas foram realizadas usando o software R **versão** 1.1.423 para Windows (R Core Team 2017). Para cada característica, os componentes da variância fenotípica foram estimados a partir da análise de variância usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) (PATTERSON, 1997). O pacote “lme4” foi usado para estimar os componentes de variância, através do comando “lmer” (BATES et al., 2015). Para cada característica, os componentes da variância fenotípica foram estimados considerando o modelo estatístico abaixo:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + R_j + B_k(R_j) + \varepsilon_{ijk}$$

y_{ijk} é o fenótipo referente ao genótipo i , na repetição j , no bloco k ;

μ é a média geral;

G_i é o efeito do genótipo i ;

R_j é o efeito da repetição j ;

$B_k (R_j)$ é o efeito do bloco k , na repetição j ;

ε_{ijk} é o erro experimental aleatório.

Todos os efeitos foram tratados como aleatórios.

Os melhores preditores lineares não viesados (BLUPs) de cada genótipo foram estimados para cada uma das características avaliadas, utilizando o mesmo modelo usado para estimar os componentes de variância. O comando de efeito aleatório “ranef” no pacote lme4 foi usado para estimar os BLUPs para todos os termos do modelo (BATES et al., 2015).

A herdabilidade média dos genótipos foi calculada com base nos seguintes estimadores, como proposto por Piepho e Möhring (2007):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{nRep}}$$

σ_g^2 variância genética;

σ_e^2 variância residual;

$nRep$ o número de repetições em cada local.

3.2.2. Avaliação de resistência à ferrugem em casa de vegetação

O experimento foi instalado na empresa Tropical Melhoramento Genético (TMG), as 299 linhagens e mais quatro testemunhas, duas resistente (Orba e Big Nan) e duas suscetíveis (IAC 100 e CD 215), foram plantadas em casa de vegetação. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente ao acaso (DIC), com três repetições, sendo cada parcela constituída por uma planta.

O isolado utilizado nesse estudo foi obtido através de uma coleta de esporos de plantas naturalmente infectadas da cultivar suscetível BRSM5 Bacuri, na região de Cambé, PR, Brasil. A inoculação foi realizada 11 dias após a semeadura, por meio da pulverização de uma solução aquosa contendo 50×10^3 uredósporos de *P. pachyrhizii* por mL e Tween 20 (0,01% v/v). A avaliação foi realizada 28 dias após a inoculação. As plantas foram consideradas resistentes quando apresentavam um tipo de lesão marrom-avermelhado, tipo RB (Reddish Brown) (Figura 1B) e suscetíveis se apresentassem lesão alaranjadas, tipo TAN (Tanhish) (Figura 1A) (BROMFIELD; HARTWIG, 1980). Outros dois caracteres de resistência foram avaliados:

QE1: Nota da quantidade de esporos nas lesões na base da planta, verificada na face abaxial das folhas, variando de 1 a 4, onde 1 indica a ausência de esporos (Figura 2A), nota 2, quando verificado poucos esporos, nota 3 moderado número de esporos e, quando muitos esporos por lesão, nota 4 (Figura 2B).

QE2: Nota da quantidade de esporos nas lesões na copa da planta, verificada na face abaxial das folhas, variando de 1 a 4.

Os dados de quantidades de esporos foram submetidos a análise de variância, segundo o modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + G_i + \varepsilon_{ij}$$

y_{ij} é o fenótipo referente ao genótipo i , na repetição j ;

μ é a média geral;

G_i é o efeito do genótipo i ;

ε_{ij} é o erro experimental aleatório.

As médias foram comparadas pelo teste de agrupamento de Scott-Knott (SCOTT; KNOTT, 1974) a 5% de probabilidade.

Figura 1. Folhas de soja infectada pelo fungo causador da ferrugem asiática da soja, ilustrando lesões resultantes da infecção de *Phakopsora pachyrhizi*. Em A, face abaxial da folha com lesões de suscetibilidade (TAN - tanish), e em B, face abaxial da folha com lesões de resistência (RB-Reddish Brown). Fonte: do autor

Figura 2. Folhas de soja infectada pelo fungo causador da ferrugem asiática da soja, ilustrando a quantidade de esporos de *Phakopsora pachyrhizi*. A) Ausência de esporos na face abaxial da folha; B) Grande quantidade de esporos na face abaxial da folha. Fonte: do autor.

3.3. Resultados e Discussões

Na Tabela 6 estão apresentadas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características estudadas pela máxima verossimilhança restrita (REML). O coeficiente de variação (CV) para a severidade da ferrugem foi de 21,43%, segundo Pimentel-Gomes (2009), esse valor indica uma média precisão experimental. Porém, quando analisamos a acurácia, parâmetro mais indicado para isso, ela foi de 0,78. Para a acurácia, são desejados valores mais altos, portanto em um programa de melhoramento valores acima de 0,70 são considerados adequados para realização da seleção, indicando que o caráter SEV pode ser utilizado para a seleção de genótipos resistentes a Ferrugem Asiática da Soja. Para os demais caracteres avaliados, apenas o caractere NDM (35%) apresentou baixas estimativas de acurácia e para AC o valor foi médio (66%).

Exceto para NDF e MCS, os demais caracteres apresentaram variância genética menor que a variância residual, determinando a grande influência do ambiente na expressão dessas características, dificultando o ganho com a seleção. Portanto, para diminuir a interferência do ambiente é importante que em próximos experimentos, seja usado um número maior de repetições, diminuindo assim a estimativa da variância residual e dando mais confiabilidade na obtenção das médias.

As baixas estimativas de variância genética observadas em quase todos os caracteres pode ser explicada também pelos sucessivos ciclos de seleção. A seleção baseada em altas produtividades e resistência ao complexo de percevejos pode ter diminuído a variabilidade para essas características. Isso é um problema frequente em programas de melhoramento, pois com vários ciclos de seleção visando determinadas características de interesse, principalmente altas produtividades, acabam restringindo a base genética da cultura e eliminando alelos de interesse, por isso é importante à introdução de novas cultivares fontes de resistência, nos programas de melhoramento (WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

A herdabilidade é um parâmetro de extrema importância no melhoramento de plantas, pois indica a porcentagem da variância observada que é devido a causas genética e não ambientais, possibilitando estimar o ganho com a seleção antes que ela seja realizada, permitindo escolher o método de seleção mais eficiente para determinada característica. Esta estimativa não é um parâmetro imutável, dependendo de vários fatores como a população em estudo, as condições ambientais às quais os indivíduos foram submetidos, a amostragem e os parâmetros utilizados para estimá-la, é possível aumentar a h^2 , utilizando populações com altas variâncias genéticas e melhorar as condições experimentais, diminuindo assim a influência do ambiente no fenótipo (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Por isso comparações de h^2 obtidas por diferentes pesquisadores para o mesmo caráter devem ser realizadas com restrições. Apesar das diferenças encontradas nas h^2 , a amplitude das estimativas apresentadas na literatura apresenta valores semelhantes, em geral características de herança complexa apresentam baixos a médios valores de herdabilidade, enquanto aquelas menos complexas, apresentam h^2 mais elevada.

As estimativas de herdabilidades variaram de 0,12 para NDM a 0,78 para MCS. A herdabilidade da SEV foi de 0,61, indicando que 61% da variação fenotípica observada entre os genótipos foram devido a causas genéticas, portanto transmitida aos descendentes, esse valor é intermediário, mostrando que a seleção realizada com base nessa característica pode resultar em genótipos mais resistentes. Quando se considera a produtividade de grãos, obteve-se uma h^2 de 0,54. Esse resultado é esperado, pois estimativas de herdabilidade moderada a baixa para PG são normalmente encontradas, devido a seu controle genético complexo, ou seja, um caráter quantitativo, controlado por vários genes e muito influenciado pelo ambiente.

Tabela 6. Componentes de variância, média, CV (coeficiente de variação), h^2 (herdabilidade) e $\hat{r}_{aa}$ (acurácia seletiva) para os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agronômico em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade de grãos em kg ha⁻¹) avaliados em linhagens de soja no ano agrícola de 2017/2018.

Estatística	NDF	NDM	VA	AC	APM	MCS	PG	SEV
σ_g^2	6.38	3.4	0.1	0.08	40.6	1.77	27505	0.43
σ_e^2	4.44	49.6	0.18	0.2	60.88	0.97	46827	0.56
Média	56.6	116.3	3.74	1.44	76.64	8.86	1790.66	3.06
CV	4.46	1.59	8.46	19.64	8.31	15.02	9.26	21.43
h^2	0.74	0.12	0.53	0.44	0.57	0.78	0.54	0.61
$\hat{r}_{aa}$	0.86	0.35	0.73	0.66	0.76	0.89	0.73	0.78

* σ_g^2 : variância genética; e σ_e^2 : variância residual.

Na Tabela 7 é possível observar o quadro de análise de variância e parâmetros genéticos para as características QE1 e QE2, os resultados revelaram diferenças significativas ($p < 0,01$) para ambos os caracteres, indicando que existe variabilidade entre os genótipos desta população, permitindo a seleção de genótipos mais resistentes a Ferrugem Asiática da Soja. Em relação à herdabilidade, é possível observar que os caracteres apresentaram valores elevados, isso mostra que a seleção feita com base nessas características possibilita sucesso.

Tabela 7. Resumo da análise de variância com os quadrados médios e suas respectivas significâncias para quantidade de esporos nas lesões na base da planta (QE1) e quantidade de esporos nas lesões na copa da planta (QE2), além da média, CV (coeficiente de variação), h^2 (herdabilidade) e $\hat{r}_{aa}$ (acurácia seletiva).

Fontes de variação	QM	
	QE1	QE2
Linhagens	1.88**	1.58**
Resíduos	0.38	0.26
Média	2.77	2.5
CV	25.5	28.25
h^2	0.8	0.83
$\hat{r}_{aa}$	0.89	0.91

** Significativo para o teste F a 1%.

O teste de comparações de média de Scott knott para as duas características, agrupou as médias em quatro *clusters* (Tabela 9 e 10 em anexo). Das 299 linhagens avaliadas e 4 testemunhas, 35 delas apresentaram média baixa para o caráter QE1 e 48 para QE2, podendo serem consideradas mais resistentes que as demais linhagens. É importante salientar, que as duas testemunhas resistente, se encontram dentro desse mesmo grupo para os dois caracteres, aumentando a confiabilidade dos resultados. A infecção pela ferrugem se inicia nas partes inferiores da planta, isso explica o fato da média ser menor para QE2 (HARTMAN; MILES; FREDERICK, 2005).

Das 299 linhagens avaliadas, 76 delas apresentaram somente lesões de resistência do tipo RB (Tabela 11 em anexo), esses genótipos quando associados com uma pequena quantidade de esporos nas lesões podem ser considerados como candidatos a boas fontes de resistência. Ainda foi possível observar que genótipos com lesões RB possuem média menor de quantidade de esporos, do que quando comparado com lesões TAN. Isso pode ser comprovado pois, das 35 linhagens selecionadas com baixa média de QE1, 28 delas estão presentes no grupo de

melhores linhagens para QE2 e dessas 28 linhagens, apenas sete delas apresentaram lesões tipo TAN. Em geral menores taxas de aumento no número de esporos ao longo do tempo são encontradas quando comparado com interações suscetíveis que resultaram em lesão TAN (MILES; FREDERICK; HARTMAN, 2006).

A resistência vertical, conferida pelos genes *Rpp*s, é oligogênica, conferindo resistência a uma ou poucas raças do fungo, esses genes são capazes de codificar proteínas que irão reconhecer fatores de virulência específicos, desencadeando vias metabólicas que irão levar a resistência (FLOR, 1971). Esse tipo de resistência atua reduzindo a quantidade de inóculo a partir do qual se inicia a epidemia da doença no campo. Já a resistência horizontal é poligênica, agindo contra várias raças da ferrugem e opera diminuindo a taxa de aumento da doença no campo. Com base nisso, fica explícito que a redução do inóculo inicial auxilia na redução da taxa de aumento da doença durante o ciclo da cultura (VAN DER PLANK, 1966). No melhoramento da Soja no Brasil, buscando resistência à Ferrugem, os genes *Rpp*s foram utilizados de forma errônea, substituindo a resistência horizontal, por esse motivo a resistência conferida por esse genes foram rapidamente superadas, como ocorreu com os genes *Rpp1* e *Rpp3* no Brasil, não sendo mais efetivos. Conclui-se que o melhoramento deve incluir os dois tipos de resistência nas populações visando essa característica.

Comparando os dois experimentos realizados para avaliação de ferrugem, pode-se selecionar aquelas linhagens que se apresentaram com pequena quantidade de esporos nas lesões na base e no topo da planta, apresentaram somente lesões do tipo RB e possuíram baixa severidade da doença no campo. Destaca-se a existência de sete linhagens, LQ 169, 289, 166, 156, 55, 71 e 85, por possuírem resistência vertical e horizontal para a ferrugem da soja. Na tabela 8 é possível observar as médias preditas pelo BLUP das características avaliadas em Anhumas/SP. Dentre elas, apenas a LQ 156 apresentou média de produtividade inferior à população, já o genótipo LQ 169 apresentou produtividade elevada em comparação com a média geral, de 1940 kg.ha⁻¹, sendo o oitavo genótipo mais bem produtivo nesse ambiente, além de apresentar elevado VA, podendo ser um genótipo promissor para a seleção ou inclusão em cruzamentos visando resistência a ferrugem. Os genótipos LQ 55 e LQ 85 possuíram PG razoavelmente elevado e também elevado VA e MCS. Diante dessa tabela é possível inferir a dificuldade em unir genótipos que contenham boa resistência à ferrugem e alta produtividade.

Tabela 8. Desempenho dos sete genótipos quanto aos caracteres de resistência, médias obtidas a partir do Melhor Preditor Linear não Viesado (BLUP) para os caracteres NDF (Número de dias para o florescimento), NDM (Número de dias para a maturidade), VA (Valor agrônomo em escala de notas variando de 1 a 5), AC (Acamamento em escala de notas variando de 1 a 5), APM (Altura da planta na maturidade em cm), MCS (Massa de cem sementes em g) e PG (Produtividade de grãos em kg ha⁻¹) e SEV (Severidade da doença, notas variando de 1 a 5).

Genótipos	NDF	NDM	VA	AC	APM	MCS	PG	SEV
LQ 169	54.67	116.48	4.01	1.61	76.06	8.77	1940.43	2.46
LQ 55	57.64	116.73	3.85	1.38	86.36	10.48	1884.88	2.45
LQ 85	56.89	116.27	3.99	1.59	83.46	10.13	1881.26	2.50
LQ 289	58.38	113.14	3.49	1.57	72.74	12.4	1836.96	2.50
LQ 71	54.67	117.20	3.59	1.58	79.72	10.19	1804.70	2.60
LQ 166	59.49	117.19	3.78	1.91	75.84	8.91	1800.44	2.30
LQ 156	55.78	117.20	3.62	1.68	72.77	8.80	1785.90	2.41

O controle genético de características como severidade da doença e número de esporos por lesões são provavelmente, controladas por um grande número de genes (PIEROZZI et al., 2008; RIBEIRO et al., 2007),

portanto em um programa de melhoramento é recomendado que a condução de populações segregantes seja numerosa o que irá possibilitar o aparecimento de combinações favoráveis de genes de resistência vertical (maior efeito) com a resistência horizontal (menor efeito), em vista disso é recomendado que a seleção seja realizada em gerações mais avançadas de endogamia (VAN DER PLANK, 1966).

3.4. Conclusão

A partir dos resultados obtidos nesta pesquisa pode-se concluir que:

A maioria dos caracteres avaliados em campo apresentaram variância genética menor que a variância residual, determinando a grande influência do ambiente na expressão dessas características, dificultando o ganho com a seleção

As estimativas de herdabilidade variaram de 0,12 a 0,78, para SEV foi de 0,61, esse valor é intermediário, mostrando que a seleção realizada com base nessa característica pode resultar em genótipos mais resistentes.

Para QE1 e QE2, os resultados indicam que existe variabilidade e consequentemente a herdabilidade também apresentou valores elevados, permitindo à seleção de genótipos mais resistentes a Ferrugem Asiática da Soja.

Constatou-se a dificuldade em unir genótipos com bons níveis de resistência à ferrugem e alta produtividade. Os genótipos LQ 169, LQ 55 e LQ 85 destacam-se por apresentarem esses dois requisitos, sendo promissores para a seleção ou inclusão em cruzamentos visando resistência a ferrugem.

Referências

- BATES, D. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using **lme4**. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1–48, 7 out. 2015.
- BROMFIELD, K. R.; HARTWIG, E. E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, v. 20, n. 2, p. 254–255, 1980.
- CAMARGO, L. E. ; BERGAMIN FILHO, A. **Manual de fitopatologia**. 5. ed. Piracicaba: Agronomica Ceres, 1995.
- CHILDS, S. P. et al. Discovery of a seventh Rpp soybean rust resistance locus in soybean accession PI 605823. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 1, p. 27–41, 4 jan. 2018.
- CONAB. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/monitoramento-agricola>>. Acesso em: 21 out. 2018.
- ECHEVESTE DA ROSA, C. R. Asian Soybean Rust Resistance: An Overview. **Journal of Plant Pathology & Microbiology**, v. 06, n. 09, 2015.
- FLOR, H. H. Current Status of the Gene-For-Gene Concept. **Annual Review of Phytopathology**, v. 9, n. 1, p. 275–296, 28 set. 1971.
- GARCIA, A. et al. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 4, p. 545–553, 28 ago. 2008.
- GOELLNER, K. et al. *Phakopsora pachyrhizi*, the causal agent of Asian soybean rust. **Molecular Plant Pathology**, v. 11, n. 2, p. 169–177, mar. 2010.
- HARTMAN, G. L.; MILES, M. R.; FREDERICK, R. D. Breeding for Resistance to Soybean Rust. **Plant Disease**, v. 89, n. 6, p. 664–666, 5 jun. 2005.

- HARTWIG, E. E. Identification of a Fourth Major Gene Conferring Resistance to Soybean Rust¹. **Crop Science**, v. 26, n. 6, p. 1135, 1986.
- HARTWIG, E. E.; BROMFIELD, K. R. Relationships Among Three Genes Conferring Specific Resistance to Rust in Soybeans¹. **Crop Science**, v. 23, n. 2, p. 237, 1983.
- LI, S. et al. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI 567102B. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 1, p. 133–142, 29 jun. 2012.
- MCLEAN, R.; BYTH, D. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybeans. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 31, n. 5, p. 951, 1980.
- MILES, M. R.; FREDERICK, R. D.; HARTMAN, G. L. Evaluation of Soybean Germplasm for Resistance to *Phakopsora pachyrhizi*. **Plant Health Progress**, v. 7, n. 1, p. 33, 27 jan. 2006.
- MONTEIRO, A. L. et al. Resistência genética de plantas a patógenos. 20 nov. 2018.
- MORCELLI, T. G. S. et al. Identificação e validação de marcadores microssatélites ligados ao gene Rpp5 de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 11, p. 1525–1531, nov. 2008.
- PATTERSON, H. D. Analysis of series of variety trials. In: **Statistical Methods for Plant Variety Evaluation**. Dordrecht: Springer Netherlands, 1997. p. 139–161.
- PIEPHO, H.-P.; MOHRING, J. Computing Heritability and Selection Response From Unbalanced Plant Breeding Trials. **Genetics**, v. 177, n. 3, p. 1881–1888, 1 nov. 2007.
- PIEROZZI, P. H. B. et al. New soybean (*Glycine max* Fabales, Fabaceae) sources of qualitative genetic resistance to Asian soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* (Uredinales, Phakopsoraceae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 2, p. 505–511, 2008.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed. Piracicaba: [s.n.].
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autogamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. 1. ed. Goiânia: UFG, 1993.
- RIBEIRO, A. S. et al. Genetic control of Asian rust in soybean. **Euphytica**, v. 157, n. 1–2, p. 15–25, 27 set. 2007.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A Cluster Analysis Method for Grouping Means in the Analysis of Variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507, set. 1974.
- SILVA, D. C. G. et al. Molecular mapping of two loci that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 117, n. 1, p. 57–63, 8 jun. 2008.
- TEAM, R. CORE. **R: A Language and Environment for Statistical Computing** Vienna, Austria Foundation for statistical Computing, , 2017. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>
- TSCHURTSCHENTHALER, N. N. et al. Variabilidade genética de *Phakopsora pachyrhizi* avaliada por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 181–186, fev. 2012.
- VAN DER PLANK, J. E. Horizontal (polygenic) and vertical (oligogenic) resistance against blight. **American Potato Journal**, v. 43, n. 2, p. 43–52, fev. 1966.
- WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, v. 36, n. 4, p. 547–555, 25 out. 2013.
- XAVIER, S. A. et al. Variação da sensibilidade de populações de *Phakopsora pachyrhizi* a fungicidas inibidores da desmetilação no Brasil. **Summa Phytopathologica**, v. 41, n. 3, p. 191–196, set. 2015.

- YAMANAKA, N. et al. Development of classification criteria for resistance to soybean rust and differences in virulence among Japanese and Brazilian rust populations. **Tropical Plant Pathology**, v. 35, n. 3, p. 153–162, jun. 2010.
- YAMANAKA, N. et al. Resistance to Asian soybean rust in soybean lines with the pyramided three Rpp genes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n. 1, p. 75–82, mar. 2013.
- YORINORI, J. T.; LAZZAROTTO, J. J. Situação da ferrugem asiática da soja no Brasil e na América do Sul. **Embrapa Soja. Documentos**, 2004.

ANEXOS

Tabela 9. Dados médios de Quantidade de esporos nas lesões na base da planta (QE1), das 299 linhagens avaliadas em casa de vegetação na Empresa TMG, Cambé/PR.

Gen	Média		Gen	Média		Gen	Média	
CD 215	4.000000	a	LQ 16	3.000000	b	LQ 175	2.333333	c
LQ 10	4.000000	a	LQ 185	3.000000	b	LQ 178	2.333333	c
LQ 102	4.000000	a	LQ 192	3.000000	b	LQ 18	2.333333	c
LQ 187	4.000000	a	LQ 208	3.000000	b	LQ 182	2.333333	c
LQ 21	4.000000	a	LQ 214	3.000000	b	LQ 184	2.333333	c
LQ 213	4.000000	a	LQ 221	3.000000	b	LQ 197	2.333333	c
LQ 217	4.000000	a	LQ 222	3.000000	b	LQ 20	2.333333	c
LQ 228	4.000000	a	LQ 226	3.000000	b	LQ 206	2.333333	c
LQ 230	4.000000	a	LQ 227	3.000000	b	LQ 209	2.333333	c
LQ 24	4.000000	a	LQ 234	3.000000	b	LQ 22	2.333333	c
LQ 244	4.000000	a	LQ 238	3.000000	b	LQ 223	2.333333	c
LQ 255	4.000000	a	LQ 242	3.000000	b	LQ 235	2.333333	c
LQ 256	4.000000	a	LQ 243	3.000000	b	LQ 237	2.333333	c
LQ 258	4.000000	a	LQ 245	3.000000	b	LQ 239	2.333333	c
LQ 264	4.000000	a	LQ 251	3.000000	b	LQ 240	2.333333	c
LQ 268	4.000000	a	LQ 265	3.000000	b	LQ 25	2.333333	c
LQ 269	4.000000	a	LQ 292	3.000000	b	LQ 250	2.333333	c
LQ 270	4.000000	a	LQ 296	3.000000	b	LQ 252	2.333333	c
LQ 272	4.000000	a	LQ 299	3.000000	b	LQ 281	2.333333	c
LQ 273	4.000000	a	LQ 301	3.000000	b	LQ 283	2.333333	c
LQ 274	4.000000	a	LQ 38	3.000000	b	LQ 286	2.333333	c
LQ 275	4.000000	a	LQ 40	3.000000	b	LQ 34	2.333333	c
LQ 276	4.000000	a	LQ 44	3.000000	b	LQ 42	2.333333	c
LQ 277	4.000000	a	LQ 47	3.000000	b	LQ 84	2.333333	c
LQ 278	4.000000	a	LQ 49	3.000000	b	LQ 86	2.333333	c
LQ 279	4.000000	a	LQ 52	3.000000	b	LQ 90	2.333333	c
LQ 282	4.000000	a	LQ 54	3.000000	b	LQ 93	2.333333	c
LQ 284	4.000000	a	LQ 59	3.000000	b	LQ 104	2.000000	c
LQ 285	4.000000	a	LQ 6	3.000000	b	LQ 113	2.000000	c
LQ 290	4.000000	a	LQ 67	3.000000	b	LQ 119	2.000000	c
LQ 291	4.000000	a	LQ 68	3.000000	b	LQ 120	2.000000	c
LQ 295	4.000000	a	LQ 8	3.000000	b	LQ 121	2.000000	c
LQ 4	4.000000	a	LQ 87	3.000000	b	LQ 131	2.000000	c
LQ 53	4.000000	a	LQ 92	3.000000	b	LQ 135	2.000000	c
LQ 76	4.000000	a	LQ 99	3.000000	b	LQ 139	2.000000	c
LQ 77	4.000000	a	IAC 100	2.666667	c	LQ 142	2.000000	c

LQ 78	4.000000	a	LQ 101	2.666667	c	LQ 143	2.000000	c
LQ 1	3.666667	a	LQ 107	2.666667	c	LQ 145	2.000000	c
LQ 100	3.666667	a	LQ 109	2.666667	c	LQ 148	2.000000	c
LQ 112	3.666667	a	LQ 123	2.666667	c	LQ 151	2.000000	c
LQ 158	3.666667	a	LQ 124	2.666667	c	LQ 160	2.000000	c
LQ 17	3.666667	a	LQ 126	2.666667	c	LQ 173	2.000000	c
LQ 183	3.666667	a	LQ 13	2.666667	c	LQ 174	2.000000	c
LQ 189	3.666667	a	LQ 136	2.666667	c	LQ 177	2.000000	c
LQ 19	3.666667	a	LQ 14	2.666667	c	LQ 181	2.000000	c
LQ 211	3.666667	a	LQ 141	2.666667	c	LQ 195	2.000000	c
LQ 215	3.666667	a	LQ 147	2.666667	c	LQ 198	2.000000	c
LQ 218	3.666667	a	LQ 15	2.666667	c	LQ 199	2.000000	c
LQ 23	3.666667	a	LQ 167	2.666667	c	LQ 201	2.000000	c
LQ 232	3.666667	a	LQ 196	2.666667	c	LQ 202	2.000000	c
LQ 248	3.666667	a	LQ 2	2.666667	c	LQ 204	2.000000	c
LQ 254	3.666667	a	LQ 200	2.666667	c	LQ 205	2.000000	c
LQ 257	3.666667	a	LQ 207	2.666667	c	LQ 302	2.000000	c
LQ 263	3.666667	a	LQ 216	2.666667	c	LQ 46	2.000000	c
LQ 27	3.666667	a	LQ 224	2.666667	c	LQ 62	2.000000	c
LQ 271	3.666667	a	LQ 225	2.666667	c	LQ 82	2.000000	c
LQ 280	3.666667	a	LQ 231	2.666667	c	LQ 83	2.000000	c
LQ 293	3.666667	a	LQ 233	2.666667	c	LQ 96	2.000000	c
LQ 294	3.666667	a	LQ 236	2.666667	c	LQ 106	1.666667	d
LQ 297	3.666667	a	LQ 246	2.666667	c	LQ 115	1.666667	d
LQ 298	3.666667	a	LQ 249	2.666667	c	LQ 122	1.666667	d
LQ 31	3.666667	a	LQ 259	2.666667	c	LQ 133	1.666667	d
LQ 5	3.666667	a	LQ 261	2.666667	c	LQ 134	1.666667	d
LQ 64	3.666667	a	LQ 262	2.666667	c	LQ 138	1.666667	d
LQ 65	3.666667	a	LQ 29	2.666667	c	LQ 146	1.666667	d
LQ 103	3.333333	b	LQ 30	2.666667	c	LQ 155	1.666667	d
LQ 108	3.333333	b	LQ 300	2.666667	c	LQ 159	1.666667	d
LQ 12	3.333333	b	LQ 32	2.666667	c	LQ 169	1.666667	d
LQ 128	3.333333	b	LQ 33	2.666667	c	LQ 180	1.666667	d
LQ 188	3.333333	b	LQ 35	2.666667	c	LQ 289	1.666667	d
LQ 190	3.333333	b	LQ 39	2.666667	c	LQ 73	1.666667	d
LQ 194	3.333333	b	LQ 58	2.666667	c	LQ 166	1.500000	d
LQ 212	3.333333	b	LQ 7	2.666667	c	LQ 129	1.333333	d
LQ 219	3.333333	b	LQ 74	2.666667	c	LQ 130	1.333333	d
LQ 220	3.333333	b	LQ 75	2.666667	c	LQ 137	1.333333	d
LQ 229	3.333333	b	LQ 80	2.666667	c	LQ 153	1.333333	d
LQ 247	3.333333	b	LQ 88	2.666667	c	LQ 157	1.333333	d

LQ 253	3.333333	b	LQ 9	2.666667	c	LQ 288	1.333333	d
LQ 26	3.333333	b	LQ 91	2.666667	c	LQ 50	1.333333	d
LQ 260	3.333333	b	LQ 94	2.666667	c	Big Nan	1.000000	d
LQ 266	3.333333	b	LQ 95	2.666667	c	LQ 140	1.000000	d
LQ 267	3.333333	b	LQ 98	2.666667	c	LQ 156	1.000000	d
LQ 28	3.333333	b	LQ 165	2.500000	c	LQ 171	1.000000	d
LQ 287	3.333333	b	LQ 168	2.500000	c	LQ 172	1.000000	d
LQ 3	3.333333	b	LQ 176	2.500000	c	LQ 43	1.000000	d
LQ 303	3.333333	b	LQ 186	2.500000	c	LQ 45	1.000000	d
LQ 304	3.333333	b	LQ 191	2.500000	c	LQ 55	1.000000	d
LQ 37	3.333333	b	LQ 203	2.500000	c	LQ 56	1.000000	d
LQ 48	3.333333	b	LQ 210	2.500000	c	LQ 66	1.000000	d
LQ 57	3.333333	b	LQ 79	2.500000	c	LQ 71	1.000000	d
LQ 60	3.333333	b	LQ 110	2.333333	c	LQ 85	1.000000	d
LQ 61	3.333333	b	LQ 114	2.333333	c	LQ 97	1.000000	d
LQ 63	3.333333	b	LQ 117	2.333333	c	ORBA	1.000000	d
LQ 72	3.333333	b	LQ 118	2.333333	c			
LQ 105	3.000000	b	LQ 125	2.333333	c			
LQ 11	3.000000	b	LQ 132	2.333333	c			
LQ 111	3.000000	b	LQ 150	2.333333	c			
LQ 116	3.000000	b	LQ 152	2.333333	c			
LQ 127	3.000000	b	LQ 154	2.333333	c			
LQ 149	3.000000	b	LQ 170	2.333333	c			

Médias seguidas de mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade

Tabela 10. Dados médios de Quantidade de esporos nas lesões na base da planta (QE1), das 299 linhagens avaliadas em casa de vegetação na Empresa TMG, Cambé/PR.

Gen	Média		Gen	Média		Gen	Média	
LQ 102	4.000000	a	LQ 40	3.000000	b	LQ 145	2.000000	c
LQ 230	4.000000	a	LQ 46	3.000000	b	LQ 148	2.000000	c
LQ 255	4.000000	a	LQ 47	3.000000	b	LQ 149	2.000000	c
LQ 256	4.000000	a	LQ 57	3.000000	b	LQ 150	2.000000	c
LQ 268	4.000000	a	LQ 6	3.000000	b	LQ 152	2.000000	c
LQ 271	4.000000	a	LQ 64	3.000000	b	LQ 153	2.000000	c
LQ 272	4.000000	a	LQ 88	3.000000	b	LQ 154	2.000000	c
LQ 273	4.000000	a	LQ 98	3.000000	b	LQ 157	2.000000	c
LQ 276	4.000000	a	LQ 10	2.666667	b	LQ 159	2.000000	c
LQ 278	4.000000	a	LQ 103	2.666667	b	LQ 168	2.000000	c
LQ 280	4.000000	a	LQ 11	2.666667	b	LQ 170	2.000000	c
LQ 282	4.000000	a	LQ 111	2.666667	b	LQ 173	2.000000	c
LQ 283	4.000000	a	LQ 114	2.666667	b	LQ 174	2.000000	c
LQ 287	4.000000	a	LQ 117	2.666667	b	LQ 178	2.000000	c
LQ 290	4.000000	a	LQ 118	2.666667	b	LQ 18	2.000000	c
CD 215	3.666667	a	LQ 124	2.666667	b	LQ 181	2.000000	c
LQ 194	3.666667	a	LQ 128	2.666667	b	LQ 186	2.000000	c
LQ 24	3.666667	a	LQ 14	2.666667	b	LQ 198	2.000000	c
LQ 25	3.666667	a	LQ 175	2.666667	b	LQ 201	2.000000	c
LQ 254	3.666667	a	LQ 182	2.666667	b	LQ 202	2.000000	c
LQ 269	3.666667	a	LQ 183	2.666667	b	LQ 205	2.000000	c
LQ 29	3.666667	a	LQ 188	2.666667	b	LQ 209	2.000000	c
LQ 293	3.666667	a	LQ 2	2.666667	b	LQ 222	2.000000	c
LQ 294	3.666667	a	LQ 20	2.666667	b	LQ 223	2.000000	c
LQ 31	3.666667	a	LQ 213	2.666667	b	LQ 224	2.000000	c
LQ 72	3.666667	a	LQ 217	2.666667	b	LQ 225	2.000000	c
LQ 190	3.500000	a	LQ 229	2.666667	b	LQ 239	2.000000	c
LQ 212	3.500000	a	LQ 251	2.666667	b	LQ 245	2.000000	c
LQ 226	3.500000	a	LQ 26	2.666667	b	LQ 249	2.000000	c
LQ 15	3.333333	a	LQ 264	2.666667	b	LQ 250	2.000000	c
LQ 16	3.333333	a	LQ 28	2.666667	b	LQ 261	2.000000	c
LQ 19	3.333333	a	LQ 286	2.666667	b	LQ 262	2.000000	c
LQ 21	3.333333	a	LQ 299	2.666667	b	LQ 267	2.000000	c
LQ 23	3.333333	a	LQ 303	2.666667	b	LQ 298	2.000000	c
LQ 253	3.333333	a	LQ 304	2.666667	b	LQ 301	2.000000	c
LQ 274	3.333333	a	LQ 65	2.666667	b	LQ 302	2.000000	c
LQ 275	3.333333	a	LQ 77	2.666667	b	LQ 42	2.000000	c
LQ 277	3.333333	a	LQ 8	2.666667	b	LQ 49	2.000000	c

LQ 284	3.333333	a	LQ 84	2.666667	b	LQ 50	2.000000	c
LQ 295	3.333333	a	LQ 86	2.666667	b	LQ 54	2.000000	c
LQ 3	3.333333	a	LQ 9	2.666667	b	LQ 59	2.000000	c
LQ 33	3.333333	a	LQ 92	2.666667	b	LQ 61	2.000000	c
LQ 35	3.333333	a	LQ 99	2.666667	b	LQ 75	2.000000	c
LQ 37	3.333333	a	LQ 12	2.500000	c	LQ 87	2.000000	c
LQ 4	3.333333	a	LQ 123	2.500000	c	LQ104	1.666667	d
LQ 5	3.333333	a	LQ 176	2.500000	c	LQ120	1.666667	d
LQ 63	3.333333	a	LQ 203	2.500000	c	LQ122	1.666667	d
LQ 7	3.333333	a	LQ 210	2.500000	c	LQ131	1.666667	d
IAC 100	3.000000	b	LQ 236	2.500000	c	LQ137	1.666667	d
LQ 1	3.000000	b	LQ 79	2.500000	c	LQ143	1.666667	d
LQ 100	3.000000	b	LQ 83	2.500000	c	LQ146	1.666667	d
LQ 108	3.000000	b	LQ 105	2.333333	c	LQ167	1.666667	d
LQ 109	3.000000	b	LQ 110	2.333333	c	LQ204	1.666667	d
LQ 116	3.000000	b	LQ 113	2.333333	c	LQ285	1.666667	d
LQ 127	3.000000	b	LQ 115	2.333333	c	LQ 67	1.666667	d
LQ 13	3.000000	b	LQ 125	2.333333	c	LQ 68	1.666667	d
LQ 147	3.000000	b	LQ 126	2.333333	c	LQ 76	1.666667	d
LQ 158	3.000000	b	LQ 138	2.333333	c	LQ 80	1.666667	d
LQ 17	3.000000	b	LQ 141	2.333333	c	LQ 93	1.666667	d
LQ 177	3.000000	b	LQ 151	2.333333	c	LQ 96	1.666667	d
LQ 185	3.000000	b	LQ 160	2.333333	c	LQ 119	1.500000	d
LQ 187	3.000000	b	LQ 184	2.333333	c	LQ 136	1.500000	d
LQ 189	3.000000	b	LQ 195	2.333333	c	LQ 165	1.500000	d
LQ 191	3.000000	b	LQ 196	2.333333	c	LQ 166	1.500000	d
LQ 192	3.000000	b	LQ 200	2.333333	c	LQ 82	1.500000	d
LQ 197	3.000000	b	LQ 206	2.333333	c	LQ 106	1.333333	d
LQ 199	3.000000	b	LQ 207	2.333333	c	LQ 129	1.333333	d
LQ 208	3.000000	b	LQ 219	2.333333	c	LQ 130	1.333333	d
LQ 211	3.000000	b	LQ 231	2.333333	c	LQ 133	1.333333	d
LQ 214	3.000000	b	LQ 234	2.333333	c	LQ 169	1.333333	d
LQ 215	3.000000	b	LQ 238	2.333333	c	LQ 281	1.333333	d
LQ 218	3.000000	b	LQ 243	2.333333	c	LQ 289	1.333333	d
LQ 22	3.000000	b	LQ 247	2.333333	c	LQ 43	1.333333	d
LQ 220	3.000000	b	LQ 259	2.333333	c	LQ 56	1.333333	d
LQ 221	3.000000	b	LQ 265	2.333333	c	LQ 74	1.333333	d
LQ 227	3.000000	b	LQ 266	2.333333	c	LQ 97	1.333333	d
LQ 228	3.000000	b	LQ 300	2.333333	c	BIG	1.000000	d
LQ 232	3.000000	b	LQ 38	2.333333	c	LQ 134	1.000000	d
LQ 233	3.000000	b	LQ 39	2.333333	c	LQ 135	1.000000	d

LQ 235	3.000000	b	LQ 44	2.333333	c	LQ 140	1.000000	d
LQ 242	3.000000	b	LQ 48	2.333333	c	LQ 155	1.000000	d
LQ 244	3.000000	b	LQ 52	2.333333	c	LQ 156	1.000000	d
LQ 246	3.000000	b	LQ 53	2.333333	c	LQ 171	1.000000	d
LQ 257	3.000000	b	LQ 58	2.333333	c	LQ 172	1.000000	d
LQ 258	3.000000	b	LQ 60	2.333333	c	LQ 180	1.000000	d
LQ 260	3.000000	b	LQ 62	2.333333	c	LQ 45	1.000000	d
LQ 263	3.000000	b	LQ 78	2.333333	c	LQ 55	1.000000	d
LQ 27	3.000000	b	LQ 90	2.333333	c	LQ 66	1.000000	d
LQ 270	3.000000	b	LQ 91	2.333333	c	LQ 71	1.000000	d
LQ 279	3.000000	b	LQ 94	2.333333	c	LQ 73	1.000000	d
LQ 291	3.000000	b	LQ 95	2.333333	c	LQ 85	1.000000	d
LQ 292	3.000000	b	LQ 101	2.000000	c	ORBA	1.000000	d
LQ 296	3.000000	b	LQ 107	2.000000	c			
LQ 297	3.000000	b	LQ 112	2.000000	c			
LQ 30	3.000000	b	LQ 132	2.000000	c			
LQ 32	3.000000	b	LQ 139	2.000000	c			
LQ 34	3.000000	b	LQ 142	2.000000	c			

Médias seguidas de mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 11. Média de PG preditas pelo Blup para o Local 2 (Produtividade em kg.ha⁻¹ e tipo de lesão avaliada em casa de vegetação, em que lesões de suscetibilidade (TAN - Tanish) e lesões de resistência (RB-Reddish Brown), para as 299 linhagens avaliadas.

Gen	PG	Lesão	Gen	PG	Lesão	Gen	PG	Lesão
1	1780,801	TAN	104	1918,236	TAN	206	1738,921	TAN
2	1870,981	TAN	105	1801,501	TAN	207	1900,351	RB
3	1857,512	TAN	106	1738,126	RB	208	1781,007	TAN
4	1818,657	TAN	107	1738,382	TAN	209	1758,238	RB
5	1896,658	RB	108	1686,597	TAN	210	1732,793	TAN
6	1833,207	RB	109	1889,267	TAN	211	1766,497	RB
7	1820,554	RB	110	1790,454	TAN	212	1775,884	TAN
8	2040,417	TAN	111	1834,088	TAN	213	1931,641	TAN
9	1794,349	RB	112	1811,342	TAN	214	1877,532	TAN
10	1869,829	TAN	113	1827,949	TAN	215	1927,919	RB
11	1839,928	TAN	114	1782,324	TAN	216	1857,737	RB
12	1728,267	TAN	115	1798,503	RB	217	1657,685	RB
13	1869,932	TAN	116	1809,388	TAN	218	1798,651	TAN
14	1809,389	TAN	117	1876,088	TAN	219	1783,420	TAN
15	1739,082	TAN	118	1804,313	RB	220	1710,071	TAN
16	1678,218	TAN	119	1735,195	RB	221	1732,266	TAN
17	1913,192	TAN	120	1684,440	RB	222	1704,986	RB
18	1918,097	RB	121	1821,423	RB	223	1777,376	RB
19	1879,713	TAN	122	1856,190	RB	224	1934,341	RB
20	1811,492	TAN	123	1911,292	TAN	225	1842,098	TAN
21	1797,917	TAN	124	1735,326	TAN	226	1723,811	TAN
22	1781,886	TAN	125	1691,601	TAN	227	1840,593	RB
23	1721,467	TAN	126	1747,140	TAN	228	1884,658	TAN
24	1617,326	TAN	127	1700,045	TAN	229	1835,438	RB
25	1738,997	TAN	128	1874,102	TAN	230	1744,432	TAN
26	1777,038	TAN	129	1693,484	RB	231	1853,422	TAN
27	1802,794	TAN	130	1730,158	TAN	232	1746,001	TAN
28	1896,851	TAN	131	1818,153	RB	233	1798,931	RB
29	2019,876	TAN	132	1780,328	TAN	234	1751,305	TAN
30	1685,315	TAN	133	1731,578	RB	235	1744,415	RB
31	1779,127	TAN	134	1837,902	RB	236	1768,985	RB
32	1708,084	TAN	135	1853,992	RB	237	1796,608	RB
33	1698,124	TAN	136	1709,818	TAN	238	1670,458	TAN
34	1862,587	TAN	137	1874,674	RB	239	1977,592	RB
35	1885,900	RB	138	1841,414	TAN	240	1893,293	RB
37	1769,814	TAN	139	1735,834	TAN	241	1691,136	NA
38	1687,572	RB	140	1636,123	RB	242	1910,799	TAN
39	1824,976	TAN	141	1849,000	TAN	243	1737,166	TAN
40	1783,161	RB	142	1828,733	TAN	244	1739,908	TAN
42	1876,352	TAN	143	1839,255	RB	245	1858,228	RB
43	1687,395	RB	145	1803,250	RB	246	1871,085	TAN
44	1759,093	TAN	146	1673,167	TAN	247	1842,043	TAN
45	1706,808	TAN	147	1766,217	TAN	248	1796,100	TAN

46	1700,196	TAN	148	1859,327	TAN	249	1797,662	RB
47	1786,213	TAN	149	1786,577	TAN	250	1849,494	RB
48	1765,595	TAN	150	1882,830	TAN	251	1745,283	TAN
49	1769,572	TAN	151	1770,663	TAN	252	1893,625	TAN
50	1945,369	RB	152	1620,519	TAN	253	1890,950	TAN
51	1626,336	TAN	153	1847,937	TAN	254	1893,415	TAN
52	1851,864	TAN	154	1671,302	TAN	255	1811,246	TAN
53	1953,476	TAN	155	1841,247	TAN	256	1648,700	TAN
54	1792,260	TAN	156	1785,905	RB	257	1836,164	TAN
55	1884,885	RB	157	1759,799	RB	258	1755,115	TAN
56	1902,418	RB	158	1757,103	TAN	259	1660,248	TAN
57	1779,614	TAN	159	1654,708	RB	260	1853,299	RB
58	1740,266	TAN	160	1920,566	NA	261	1806,068	RB
59	1770,699	TAN	161	1794,063	NA	262	1686,169	RB
60	1735,214	TAN	162	1753,615	NA	263	1893,324	TAN
61	1741,771	TAN	163	1626,226	NA	264	1819,449	TAN
62	1763,559	RB	164	1678,420	NA	265	1720,195	TAN
63	1672,260	TAN	165	1831,634	RB	266	1827,592	TAN
64	1814,044	TAN	166	1800,449	RB	267	1933,928	RB
65	1817,287	TAN	167	1940,384	TAN	268	1729,199	TAN
66	1692,537	RB	168	1767,814	TAN	269	1881,224	TAN
67	1742,184	TAN	169	1940,433	RB	270	1778,937	TAN
68	1853,593	TAN	170	1701,851	TAN	271	1776,252	TAN
70	1715,971	TAN	171	1760,397	RB	272	1854,705	TAN
71	1804,706	RB	172	1786,753	RB	273	1673,233	TAN
72	1725,706	TAN	173	1979,175	TAN	274	1707,304	TAN
73	1739,605	RB	174	1802,350	TAN	275	1676,481	TAN
74	1831,845	TAN	175	1749,841	TAN	276	1672,884	TAN
75	1803,856	RB	176	1838,851	TAN	277	1797,323	TAN
76	1721,853	TAN	177	1849,688	TAN	278	1725,627	TAN
77	1727,280	TAN	178	1640,149	TAN	279	1792,929	TAN
78	1708,425	TAN	180	1937,266	TAN	280	1772,153	TAN
79	1824,781	TAN	181	1806,338	TAN	281	1865,691	RB
80	1749,249	TAN	182	1772,220	TAN	282	1728,269	TAN
81	1768,459	TAN	183	1755,952	TAN	283	1662,252	TAN
82	1971,718	TAN	184	1763,239	TAN	284	1731,251	TAN
83	1775,502	TAN	185	1650,708	TAN	285	1648,836	TAN
84	1677,449	TAN	186	1670,601	TAN	286	1847,071	RB
85	1881,262	RB	187	1633,197	TAN	287	1702,336	TAN
86	1673,471	TAN	188	1850,947	TAN	288	1736,518	RB
87	1888,974	TAN	189	1746,181	TAN	289	1836,966	RB
88	1837,278	TAN	190	1652,463	TAN	290	1776,766	TAN
89	1829,917	TAN	191	1801,973	TAN	291	1748,571	TAN
90	1739,525	TAN	192	1740,188	TAN	292	1854,871	TAN
91	1829,107	TAN	193	1662,646	TAN	293	1732,712	TAN
92	1931,058	TAN	194	1747,701	TAN	294	1894,945	TAN

93	1822,185	TAN	195	1906,764	RB	295	1744,532	TAN
94	1859,216	TAN	196	1823,433	TAN	296	1722,789	TAN
95	1836,761	TAN	197	1799,292	TAN	297	1809,912	TAN
96	1897,306	TAN	198	1803,852	RB	298	1862,678	RB
97	1834,652	TAN	199	1763,482	TAN	299	1776,204	TAN
98	1882,639	TAN	200	1710,312	TAN	300	1846,222	RB
99	1781,454	RB	201	1813,144	RB	301	1764,911	RB
100	1722,809	RB	202	1735,742	TAN	302	1826,317	TAN
101	1692,903	TAN	203	1787,808	TAN	303	1814,132	RB
102	1662,241	TAN	204	1829,995	TAN	304	1882,688	TAN
103	1790,408	TAN	205	1818,337	TAN			

NA: Dados perdidos