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

**Performance de cruzamentos de soja em gerações sucessivas de endogamia,
com ênfase em produtividade, reação à ferrugem e precocidade**

Renato Sergio Batista Carvalho

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

**Piracicaba
2015**

Renato Sergio Batista Carvalho
Engenheiro Agrônomo

**Performance de cruzamentos de soja em gerações sucessivas de endogamia, com
ênfase em produtividade, reação à ferrugem e precocidade**

Versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

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

Piracicaba
2015

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

Carvalho, Renato Sergio Batista

Performance de cruzamentos de soja em gerações sucessivas de endogamia, com ênfase em produtividade, reação à ferrugem e precocidade / Renato Sergio Batista Carvalho. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2015.

177 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. *Glycine max* 2. *Phakopsora pachyrhizi* 3. Manejos de doenças com fungicidas
4. Resistência e tolerância à ferrugem 5. Dialelo parcial 6. Capacidade média de combinação 7. Ganho de seleção I. Título

CDD 633.34
C331p

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

A minha família,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus.

A minha família, em especial aos meus pais Joel e Neuza, pelo apoio incondicional em minhas decisões; minha irmã Janine, que me orgulha pelo incentivo em todo o curso; minhas avós, em quem sempre busquei refúgio e demais familiares, pelo apoio. A minha esposa, Karine Vicente Azevedo Carvalho, pelo apoio e compreensão durante todo o doutorado.

Ao Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo acolhimento e pela oportunidade de fazer parte desse excelente curso.

A CAPES e ao CNPq, pelo apoio ao projeto e pela concessão da bolsa de estudos (períodos: 01/03/2011 a 30/11/2013 e 01/12/2013 a 31/05/2014, respectivamente).

Ao professor Natal Antonio Vello, por todo o processo de orientação, no qual demonstrou profissionalismo, serenidade e paciência, contribuindo para a minha formação profissional.

Ao Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA) / LGN/ESALQ/USP, em especial aos: doutores Inocencio Junior de Oliveira, Marcelo Cunha Marques, Nelson Enrique Casas-Leal, Philip Traldi Wysmierski; doutorandos, Felipe Maniero Nazato, Iradenia da Silva Sousa, José Ribamar de Assunção Filho, Fernanda Aparecida Castro Pereira e Gabriela Antonia de Freitas Rocha; técnicos: Antonio Roberto Cogo, Claudinei Antonio Didoné e Marcos Custódio Nekatschalow; por toda a ajuda, paciência e companheirismo dentro e fora da universidade.

A meus amigos, aos quais desejo muito sucesso na vida.

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
LISTA DE ABREVIATURAS.....	15
1 INTRODUÇÃO.....	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	19
2.1 Ferrugem asiática da soja	19
2.2 Melhoramento genético para resistência e tolerância à ferrugem asiática da soja	21
2.3 Considerações sobre o ciclo da cultura da soja	23
2.4 Uso de cultivares de soja com ciclo precoce	24
2.5 Genética da soja quanto ao ciclo	25
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	27
3.1 Locais de condução dos experimentos	27
3.2 Material genético	27
3.3 Caracteres agronômicos avaliados.....	28
3.3.1 Produtividade de grãos (PG)	28
3.3.2 Peso de cem sementes (PCS).....	28
3.3.3 Número de dias para a maturidade (NDM)	28
3.3.4 Altura da planta na maturidade (APM)	29
3.3.5 Acamamento (AC).....	29
3.3.6 Valor Agronômico (VA)	29
3.3.7 Notas de Ferrugem (NF).....	29
3.3.8 Taxa de Reação à Ferrugem (TRF)	30
3.4 Experimentação agronômica	30
3.4.1 Experimentação de campo com as gerações F_2 e $F_{2:3}$ e teste de progênies $F_{2:4}$	31
3.4.2 Experimentação de campo com a geração $F_{2:4}$	31
3.4.3 Experimentação da geração $F_{2:5}$	32
3.4.4 Experimentação da geração $F_{5:6}$	32
3.4.5 Experimentação da geração $F_{5:7}$	33
3.5 Análise dos dados	34
3.5.1 Análise de variância.....	34
3.5.1.1 Análises por anos agrícolas	34

3.5.1.2 Análise conjunta.....	34
3.5.1.3 Análises dentro de cruzamentos.....	36
3.5.2 Procedimento para comparações múltiplas: método de agrupamento de médias de Scott e Knott (SK).....	37
3.5.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade.....	39
3.5.4 Estimativas dos ganhos com a seleção.....	39
3.5.5 Capacidade média de combinação em soja.....	41
3.5.6 Coeficientes de correlação fenotípica	42
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4.1 Análises de variância (ANOVA's) – Análises por cruzamentos	45
4.1.1 Experimentação do ano agrícola 2010/11 – Geração $F_{2:4}$	45
4.1.2 Experimentação do ano agrícola 2011/12 – Geração $F_{2:5}$	46
4.1.3 Experimentação no ano agrícola 2012/13 – Geração $F_{5:6}$	46
4.1.4 Experimentação no ano agrícola 2013/14 – Geração $F_{5:7}$	48
4.1.5 Análise de variância conjunta	48
4.2 Variabilidade dentro de cruzamentos em diferentes gerações	50
4.2.1 Produtividade de Grãos (PG)	51
4.2.2 Peso de cem sementes (PCS)	52
4.2.3 Número de dias para a maturidade (NDM).....	53
4.2.4 Altura da Planta na Maturidade (APM)	54
4.2.5 Acamamento (AC)	54
4.2.6 Valor Agronômico (VA).....	55
4.2.7 Notas de severidade da ferrugem (NF1, NF2 e NF3)	55
4.3 Análise das capacidades médias de combinação (CMC) em diferentes gerações de endogamia	56
4.3.1 Produtividade de Grãos (PG)	57
4.3.2 Peso de cem sementes (PCS)	59
4.3.3 Número de dias para a maturidade (NDM).....	60
4.3.4 Altura da planta na maturidade (APM).....	61
4.3.5 Acamamento (AC)	62
4.3.6 Valor agronômico (VA).....	62
4.3.7 Notas de severidade da ferrugem asiática (NF1, NF2 e NF3)	63
4.4 Correlações das CMC entre gerações	64
4.5 Correlações entre caracteres	67

4.6 Seleção de genótipos superiores a partir de linhagens experimentais F _{5:7}	70
4.6.1 Caracterização das linhagens experimentais F _{5:7}	70
4.6.2 Seleção de linhagens experimentais F _{5:7} superiores por índice de seleção	72
4.6.3 Ganhos realizados com a seleção em relação às médias dos dois genitores (GS _{mg}) e do genitor superior (GS _{gs}) para PG, NDM e reação à ferrugem (NF e TRF).....	76
5 CONCLUSÕES	79
REFERÊNCIAS	81
ANEXOS	91

RESUMO

Performance de cruzamentos de soja em gerações sucessivas de endogamia, com ênfase em produtividade, reação à ferrugem e precocidade

Entre as principais demandas da agricultura brasileira nos últimos anos, destaca-se a necessidade de cultivares de soja com elevado potencial produtivo, resistentes/tolerantes a doenças, em especial à ferrugem asiática da soja e com ciclo reduzido. O trabalho teve como objetivo principal avaliar cruzamentos de soja em diferentes gerações de endogamia e seleção, com ênfase nos caracteres produtividade de grãos, resistência/tolerância à ferrugem e ciclo (precocidade). Os 49 cruzamentos foram obtidos em um dialelo parcial 7x7, avaliados nas gerações F_2 e $F_{2:3}$ por Oliveira (2011) e, neste trabalho, nas gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$, $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$. Um total de dez experimentos (combinações de anos agrícolas, locais e manejos de doenças) foram realizados em blocos aumentados e ou blocos casualizados. Os dois manejos de doenças compreenderam um experimento com controle das doenças de fim de ciclo (DFC) e da ferrugem, enquanto que no segundo experimento envolveu somente o controle das DFC. Os caracteres avaliados foram: produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS, representando o tamanho das sementes), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), notas de severidade da ferrugem (NF) e taxas de reação à ferrugem (TRF). As TRFs foram estimadas para cada caráter por meio da diferença entre as médias ajustadas de cada genótipo nos dois experimentos com manejos de doenças. Foram realizadas análises de variância, estimativas de herdabilidade, capacidades médias de combinação (CMC), correlações das CMC entre as gerações, correlações entre caracteres, seleção de linhagens experimentais superiores e estimativas dos ganhos com a seleção. As metodologias de avaliação da resistência (NF) e da tolerância (TRF) possibilitaram a discriminação de genótipos superiores quanto à reação à ferrugem, demonstrando evidências de serem complementares e úteis para uso em conjunto. Observou-se maior tendência de haver correlações das CMC entre as gerações para caracteres de alta herdabilidade. A magnitude da variabilidade dentro de cruzamentos oscilou em consequência da seleção e da abertura de progênies e ou linhagens para a maior parte dos caracteres. Apesar das correlações entre os caracteres (NDM x PG e NDM x NF), foram observados ganhos na seleção de genótipos superiores. Os genitores que mais contribuíram para a obtenção de linhagens experimentais com alta produtividade de grãos, resistentes/tolerantes à ferrugem e precoces foram M-Soy 8001 e IAC 100 no Grupo I e USP 70.080 e USP 70.123 no Grupo II do dialelo.

Palavras-chave: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Manejos de doenças com fungicidas; Resistência e tolerância à ferrugem; Dialelo parcial; Capacidade média de combinação; Ganho de seleção

ABSTRACT

Performance of soybean crosses in successive generations of inbreeding, with emphasis on yield, tolerance to rust and earliness

Among the main demands of Brazilian agriculture in recent years highlights the need for soybean cultivars with high yield potential, resistance / tolerance to diseases, mainly Asian soybean rust (FAS) and reduced cycle. The research aimed to study the genetic relationships of soybean crosses in different generations of inbreeding and selection, with an emphasis on the seed yield, resistance/tolerance to rust and cycle (earliness). The 49 crosses was obtained in a partial diallel 7x7, researching the generations F_2 and $F_{2:3}$ by Oliveira (2011) and, in this work, the generations $F_{2:4}$, $F_{2:5}$, $F_{5:6}$ and $F_{5:7}$. A total of ten experiments (combinations of agricultural years, locations and disease managements) were performed in augmented block and or randomized complete-block designs. The two managements involved one experiment with control of the late season leaf diseases (DFC) and rust, whereas the second experiment only involved the control of the DFC. The following traits were evaluated : seed yield (PG), one hundred seed weight (PCS, representing the seed size), number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (APM), lodging (AC), agronomic value (VA), notes of rust severity (NF) and the rust reaction rates (TRF). The TRFs for each trait were estimated by the difference between the adjusted means of each genotype in the two experiments with diseases managements. There were obtained analyses of variance and estimates of heritability, average combining ability (CMC), the CMC correlations between generations, correlations between traits, selection of superior experimental lines and the selection gains. The methodologies for measuring the rust resistance by severity notes (NF) and the rust tolerance (TRF) allowed the discrimination of genotypes and showed evidences of being complementary and with benefits for use together. Higher evidences of CMC correlations between generations were observed in the high heritability traits. The magnitude of the variability within crosses oscillated due the selection and the progeny/line opening, for most of the traits. Even with negative correlations between traits (NDM x PG and NDM x NF), there were observed gains in the selection of superior genotypes. The parents who contributed most to obtain experimental lines with high seed yield, rust resistance / tolerance and earliness were M-Soy 8001 and IAC 100 in the Group I, and USP 70.080 and USP 70.123 in the Group II of the diallel.

Keywords: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Disease management with fungicides; Rust resistance and tolerance; Partial diallel; Average combining ability; Selection gain

LISTA DE ABREVIATURAS

AC	Acamamento (notas)
APM	Altura da planta na maturidade (cm)
CMC	Capacidade média de combinação
DFC	Manejo com fungicida para controle de doenças de final de ciclo (DFC)
FAS	Manejo com fungicidas para controle das DFC e também da ferrugem asiática
NDM	Número de dias para a maturidade (dias)
NF	Nota de ferrugem (notas)
PCS	Peso de cem sementes (g)
PVR	Podridão Vermelha das Raízes
PG	Produtividade de grãos (kg.ha^{-1})
TRF	Taxa de reação à ferrugem asiática (%)
VA	Valor agrônômico (notas)

1 INTRODUÇÃO

A soja é uma cultura de grande importância mundial, sendo seus grãos utilizados principalmente para obtenção de farelo de soja (proteína) e óleo vegetal. A cultura tem ocupado cerca de 6% da terra arável do mundo e, desde os anos 70, foi a que apresentou maiores incrementos de área quando comparada às outras grandes culturas (HARTMAN; WEST; HERMAN, 2011), além de acréscimos expressivos de produtividade. O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, com uma área cultivada de aproximadamente 30,17 milhões de hectares e uma produção ao redor de 86 milhões de toneladas, alcançando uma produtividade média de 3026 kg.h⁻¹ na safra de 2013/14 (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2014).

Um dos desafios atuais para o incremento na produtividade, são os prejuízos causados pela ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*), acarretando perdas de até 80% (HARTMAN; WEST; HERMAN, 2011). As perdas causadas pela ferrugem asiática no Brasil, foram estimadas em 9,9 bilhões de dólares na safra 2003/04. O fungo causador da doença foi identificado em praticamente todas as regiões produtoras (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROCECUÁRIA - EMBRAPA, 2006).

Na situação atual da soja no Brasil, tem sido recomendada principalmente a semeadura de cultivares que apresentem ciclos precoces e semi-precoces, pois estes ciclos permitem o cultivo de mais de uma cultura por ano agrícola, em rotação e ou sucessão principalmente com milho de segunda safra (outono/inverno), com semeadura após a colheita da soja (ALBERINI; MATSUMOTO; ZUFFO, 1992; CÂMARA, 1992; MIRANDA, 1992). Além disso, genótipos que apresentam ciclo variando entre 120 e 130 dias são relatados como ideais para a viabilidade do sistema de rotação cana-soja (BÁRBARO et al. 2009).

Uma das medidas de controle indicadas para a ferrugem asiática é a utilização de cultivares precoces semeadas no início da época recomendada para cada região. Comumente, cultivos provenientes de semeaduras tardias sofrem mais danos devido à multiplicação do patógeno nos primeiros cultivos. Com a finalidade de escapar do período de maior potencial de inóculo do fungo, uma das estratégias possíveis é o uso de cultivares precoces semeadas no início do período recomendado (YORINORI; LAZZAROTO, 2004).

Desta forma, o presente trabalho tem como objetivo avaliar os cruzamentos obtidos em um dialelo parcial 7x7, bem como as associações entre as gerações sucessivas de endogamia e entre os caracteres de interesse agrônômico, com ênfase em ganhos na seleção de genótipos

superiores por meio da combinação de produtividade de grãos, reação (resistência e tolerância) à ferrugem asiática e precocidade.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Ferrugem asiática da soja

Várias doenças causadas por fungos são importantes para a cultura da soja, sendo que atualmente o maior destaque é para a ferrugem asiática, causada por *Phakopsora pachyrhizi*. No Brasil, o patógeno *P. pachyrhizi* encontrou condições climáticas favoráveis, o que justifica a rápida disseminação às regiões produtoras e a severidade com que a ferrugem ocorreu desde a safra de 2001/02 em todo o país. O principal prejuízo ocasionado pela doença é a desfolha precoce, a qual impede a completa formação dos grãos. Quanto mais cedo ocorrer a desfolha, menor o tamanho dos grãos e, conseqüentemente, maior a redução da produtividade de grãos e da qualidade. O dano que o patógeno pode ocasionar depende do momento em que o mesmo incide na cultura, das condições climáticas favoráveis à sua multiplicação, da resistência/tolerância e do ciclo da cultivar utilizada (ALMEIDA et al., 2005).

A situação da ferrugem asiática está cada vez mais preocupante no Brasil, por fatores como as grandes extensões territoriais das áreas cultivadas, cultivo contínuo, realização da safra de inverno e, acima de tudo, clima favorável ao desenvolvimento da doença, principalmente no Brasil central (ZAMBOLIM; do VALE; CHAVES, 2006).

O fungo pertence ao filo Basidiomycota, classe Urediniomycetes, ordem Uredinales e família *Phakopsoraceae*. Duas espécies do gênero *Phakopsora* são descritas como causadoras da ferrugem na soja. A espécie mais agressiva é *P. pachyrhizi*, presente na maioria dos países produtores de soja, conhecida por provocar a ferrugem asiática; já a espécie menos virulenta é *P. meibomia*, a qual provoca a ferrugem americana; esta última é encontrada somente em algumas áreas do hemisfério ocidental, ocorrendo desde Porto Rico (Caribe) ao sul do Paraná (Ponta Grossa), sem causar perdas significativas à cultura da soja (ONO; BURITICA; HENNEN, 1992).

O fungo *P. pachyrhizi*, agente causal da ferrugem asiática é biotrófico, ou seja, só se desenvolve em tecidos vegetais vivos, não sobrevivendo em restos culturais. Portanto, para sobreviver, depende de hospedeiros alternativos ou da própria soja, através das plantas voluntárias, guaxas ou tigueras, que nascem a partir de sementes perdidas na colheita, ou nos cultivos sob irrigação (EMBRAPA, 2007).

O ciclo da doença se inicia a partir de plantas que serviram como hospedeiras e que liberam os esporos, os quais se disseminam pelo vento e chuva, depositando-se sobre as folhas das plantas de soja. Quando as condições são favoráveis para a ocorrência da doença,

inicialmente, os uredósporos (esporos) emitem o tubo germinativo e, em seguida, o apressório. Esta estrutura desenvolve-se em direção à superfície da planta e perfura a cutícula e a parede celular através de força mecânica e enzimática, infectando o hospedeiro (AMORIM et al., 1995). O fungo *P. pachyrhizi* e espécies relacionadas são os únicos em sua habilidade de penetração direta na epiderme; a maior parte dos patógenos causadores de ferrugem penetram na folha pela abertura dos estômatos (MILES, 2006).

As condições ótimas para o desenvolvimento do patógeno são temperaturas médias de 18 a 28°C, com umidade relativa alta, entre 75 a 80%, durante um período de molhamento foliar de 10 a 12 horas (DEL PONTE; GODOY; YANG, 2006; GODOY; DEL PONTE; COSTAMILAN, 2006). Relatos recentes afirmam que o fungo *P. pachyrhizi* pode sobreviver em temperaturas ao redor de -6°C (BALARDIN et al., 2005), o que pode explicar as epidemias de inverno, principalmente nos Estados Unidos.

Nas condições ideais mencionadas e havendo disponibilidade de água livre sobre a superfície da planta, a infecção ocorre no período de seis horas, após a deposição do esporo, sendo que quanto maior a duração do molhamento foliar, maiores serão as chances de sucesso da infecção. A infecção inicia quando os uredósporos, os quais podem sobreviver sem hospedeiros por um período de 50 dias, germinam e emitem um tubo germinativo que cresce sobre a superfície da folha até a formação de um apressório.

O ciclo da doença tem duração de seis a sete dias, o que a torna policíclica, realizando diversos ciclos durante o ciclo do hospedeiro (YORINORI; LAZZAROTO, 2004).

Os sintomas da ferrugem podem aparecer em qualquer estágio de desenvolvimento e em diferentes órgãos da planta, como em cotilédones, folhas e hastes, sendo, no entanto, mais característicos nas folhas. Os primeiros sintomas da ferrugem asiática são caracterizados por minúsculos pontos, de no máximo 1mm de diâmetro, mais escuros do que o tecido foliar sadio, de coloração esverdeada a cinza esverdeada, com correspondente protuberância (urédia) na página inferior da folha. Progressivamente, as urédias adquirem coloração castanho-clara a castanho-escuro, abrem-se em minúsculos poros, por onde são liberados os uredósporos. Seis a oito ciclos do patógeno podem ser observados em apenas um ciclo da soja (YORINORI; LAZZAROTO, 2004).

Ao decorrer da esporulação, o tecido das folhas ao redor das primeiras urédias, adquirem a coloração castanho-clara ou bege (formando lesão do tipo TAN, considerada como um sintoma de suscetibilidade do hospedeiro) a castanho-avermelhada (lesão do tipo “redish-brown” – RB, sendo um sintoma que indica a resistência associada com hipersensibilidade do hospedeiro), formando as lesões que são facilmente visíveis em ambas as faces das folhas.

Com o desenvolvimento da doença, as lesões adquirem forma poligonal, delimitadas pelas nervuras secundárias, podendo alcançar de 2 a 3 mm de diâmetro. Os uredósporos se acumulam ao redor dos poros e, com o tempo, são carregados pelo vento. As lesões são mais numerosas nas folhas do terço inferior do dossel das plantas, na base e bordos dos folíolos. Em casos de ataques severos, as plantas ficam semelhantes a lavouras dessecadas com herbicidas, sofrendo abortamento de flores e vagens, além de menor granação (ALMEIDA et al., 2005). Um terceiro tipo de sintomas envolve a reação de imunidade, a qual está associada a pequenas marcas (flecks) de cor acinzentada nas folhas (HARTMAN, SINCLAIR e RUPE, 1999; VELLO e CARVALHO, 2013).

O nível de dano que a doença pode causar depende do momento em que ela incide na cultura, das condições climáticas favoráveis à sua multiplicação após a constatação dos sintomas iniciais, da resistência ou tolerância e do ciclo da cultivar utilizada. Os sintomas são mais comumente observados a partir da fase reprodutiva.

Dentre os fatores que influenciam no controle da ferrugem asiática e, conseqüentemente, nos danos de produtividade e aumento dos custos de produção destacam-se: o estágio fenológico da planta quando da observação dos sintomas iniciais; as condições ambientais; a resistência/tolerância dos genótipos; o ciclo das cultivares; a intensidade da doença; a eficiência do controle químico, envolvendo principalmente o período de tempo residual dos fungicidas e o número de aplicações necessárias.

2.2 Melhoramento genético para resistência e tolerância à ferrugem asiática da soja

A resistência genética é um componente fundamental do manejo integrado para o controle da ferrugem asiática. Porém, a obtenção de uma cultivar resistente tem se mostrado um grande desafio para os programas de melhoramento de soja.

O objetivo principal no processo de desenvolvimento de cultivares resistentes/tolerantes é a manutenção da doença em um limiar abaixo dos níveis de dano econômico. O conceito de resistência está relacionado a qualquer característica que previna a infecção ou limite sua extensão, sendo uma reação de defesa do hospedeiro, resultante da soma de fatores que tendem a diminuir a agressividade do agente causal. A tolerância reflete a capacidade da planta em suportar o ataque do patógeno sem sofrer danos significativos na produtividade (SCHAFER, 1971; VAN DER PLANK, 1966).

O estudo do número de genes responsáveis pela resistência a uma doença e sua herança, são ferramentas de extrema utilidade no desenvolvimento de cultivares (VERNETTI;

VERNETTI JR., 2009) e vários genes que determinam resistência ou suscetibilidade da soja a patógenos causadores de doenças têm sido identificados ao longo dos anos. Os alelos *Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3* e *Rpp4* já foram identificados como fontes de resistência. No entanto, a estabilidade dessa resistência é duvidosa, devido à variabilidade genética do patógeno (OLIVEIRA; GODOY; MARTINS, 2005) e ao fato do fungo da ferrugem ter habilidade de acumular genes de virulência (BONDE et al., 2006).

A resistência vertical já foi observada para algumas raças de *P. pachyrhizi*, sendo que quatro genes dominantes foram identificados: *Rpp1* – PI 200492 - “Komata” (McLEAN; BYTH, 1980), *Rpp2* – PI 230970 (BROMFIELD; HARTWIG, 1980), *Rpp3* – PI 462312 – “Ankur” (BROMFIELD; HARTWIG, 1980) e *Rpp4* - PI 459025- “Bing nan” (HARTWIG, 1986), além de um gene recessivo, o *rpp5* – PI 200456 (GARCIA et al., 2008). Li et al., 2012 identificaram o gene *Rpp6*, e recentemente, outros dois genes principais de resistência à ferrugem asiática, também recessivos, foram identificados nas linhagens de soja, BR01-18437 e PI 224270 (CALVO et al., 2008). Além disso, as linhagens de soja, Tainung #4, PI 459024 e PI 459025 e uma linhagem de *G. soja* (PI 339871) parecem ter genes específicos adicionais para resistência (HARTWIG, 1986 ; McLEAN, 1980).

Visando à tolerância e estabilidade da resistência à ferrugem, uma abordagem quantitativa que considera a produtividade de grãos relativa, pode ser a alternativa mais adequada, pois considera a resposta da planta na presença do patógeno (TAN; YU; LIU, 1983; TSCHANZ e TSAI, 1983; ZAMBOLIM; do VALE; CHAVES, 2006; HARTMAN; WANG; TSCHANZ, 1991). Uma medida de controle econômico e efetivo da ferrugem é a obtenção de cultivares com alta resistência e produtividade. Para tanto, é necessário avaliar o germoplasma disponível e cruzar acessos resistentes com cultivares de soja com alta produtividade para desenvolver cultivares resistentes com caracteres produtivos desejáveis (TAN; YU; LIU, 1983). O primeiro passo no desenvolvimento de genótipos resistentes à ferrugem é identificar as fontes de resistência a essa doença. O próximo passo é realizar os cruzamentos de genótipos resistentes com as cultivares adaptados às condições locais. O terceiro e último passo é identificar quais desses novos genótipos são resistentes à ferrugem e mantêm a sua produtividade em um nível elevado, além de não apresentarem alterações com relação à suscetibilidade a outras doenças.

Para a obtenção de genótipos tolerantes a médio e longo prazo, a seleção recorrente seria outra estratégia de melhoramento (VELLO; BROGIN; ARIAS, 2002). A estratégia de uso de genótipos tolerantes tem a vantagem de reduzir as perdas desses genótipos, porém apresenta a desvantagem de permitir a reprodução do fungo que pode servir como inóculo para infectar

áreas próximas cultivadas com genótipos com menor grau de tolerância. Desta forma, o manejo integrado é recomendado, sendo sugeridas estratégias como a disseminação rápida das cultivares tolerantes na região, a adoção de cultivares mais precoces semeadas na época adequada para cada região e o uso de “vazio sanitário”, medida que protege a safra principal da soja em diversas regiões mediante a restrição de semeadura de soja no inverno e consequente redução do inóculo inicial (VELLO; CARVALHO, 2013).

2.3 Considerações sobre o ciclo da cultura da soja

Considera-se como o ciclo da cultura o número de dias da emergência até a maturidade, definida pelo momento em que 95% das vagens da área útil da parcela estiverem maduras (R_8) e com coloração típica da cultivar (FEHR; CAVINESS, 1977).

O ciclo de cultivo da soja é influenciado por diversos fatores, entre eles, temperatura, fotoperíodo, regime hídrico e ocorrência de doenças. A maturação pode ser acelerada pela ocorrência de altas temperaturas; já temperaturas baixas na fase de colheita podem provocar atraso. A faixa de temperatura ideal para a cultura se dá entre 20°C e 30°C. A sensibilidade ao fotoperíodo é uma característica variável entre as cultivares, sendo que cada cultivar possui seu fotoperíodo crítico, acima do qual o florescimento é atrasado (EMBRAPA, 2011).

As primeiras cultivares de soja semeadas no Brasil foram introduzidas durante os anos 60 e 70, a partir de introduções oriundas do sul dos Estados Unidos (ex.: cultivares Bragg, Davis e Lee). A partir daí foram obtidas, via cruzamentos manuais, as primeiras cultivares brasileiras, como Industrial, Santa Rosa e Campos Gerais (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). O desenvolvimento de cultivares que apresentam “período juvenil longo” foi de extrema importância para que a cultura se disseminasse no Brasil, saindo de regiões com latitudes mais elevadas e permitindo o cultivo comercial em baixas latitudes (abaixo de 15°), possibilitando seu cultivo da região sul até a região norte do país.

A maior parte das cultivares brasileiras possuem ciclo entre 90 e 160 dias, e podem ser classificadas de ciclo super-precoces, precoces, semi-precoces, médios, semi-tardios e tardios, podendo ocorrer variações nessa classificação devido a particularidades regionais.

O uso da classificação por grupos de maturação é um importante conceito a partir do qual determina-se a melhor região de cultivo de uma cultivar. Nos Estados Unidos este método tem sido utilizado no auxílio a produtores e pesquisadores que trabalham com a cultura da soja. Estudos realizados demonstraram ser possível a aplicação desta metodologia no Brasil, auxiliando pesquisas, no desenvolvimento de cultivares e recomendações específicas para o

país (ALLIPRANDINI et al., 2009). A classificação norte-americana engloba a interação de fatores como fotoperíodo, temperatura e adaptação ao local de cultivo. São formados 13 grupos de maturação, partindo do “Grupo 000” (mais precoce, cultivares de dias longos) até o grupo X (cultivares tardias, adaptadas a dias curtos); as cultivares adaptadas às condições brasileiras estão classificadas nos grupos V (região sul) a X (região norte); as cultivares adaptadas ao Estado de São Paulo classificam-se nos grupos VI a VIII. Dentro de cada grupo tem-se cultivares com ciclos diferentes (super-precoce a tardio).

2.4 Uso de cultivares de soja com ciclo precoce

A monocultura tende a provocar a degradação física, química e biológica do solo além da queda na produtividade das culturas, proporcionando também condições mais propícias para o surgimento de doenças, insetos-praga e plantas daninhas. Devido a isso, a utilização da sucessão de culturas como mecanismo para alternar espécies vegetais numa mesma área agrícola, tem-se mostrado viável e bastante benéfica.

O uso cultivares de soja precoces permite a instalação de milho segunda safra após a colheita da soja (ALBERINI; MATSUMOTO; ZUFFO, 1992; CÂMARA, 1992; MIRANDA, 1992). No ano agrícola 2013/14, a área cultivada com milho de segunda safra (cultivo de outono/inverno) chegou ao redor de 9 milhões de hectares, enquanto que a área ocupada por milho de primeira safra (cultivo de verão) foi de aproximadamente 6.5 milhões de hectares. Nos últimos anos, percebe-se uma tendência dos agricultores brasileiros localizados nas principais regiões produtoras de grãos do país na adoção do sistema de rotação “soja - milho segunda safra” com a semeadura da leguminosa na safra principal.

Apesar do intenso cultivo de cana-de-açúcar, o Estado de São Paulo também se destaca como produtor de soja, com cerca de 25% de sua produção ocorrendo em áreas de reforma de canaviais, no processo de rotação cultural soja e cana-de-açúcar. Nesse caso, é necessário utilizar cultivares de soja de ciclo entre 120 e 130 dias (EMBRAPA, 2011), as quais propiciam a colheita em tempo ideal para o plantio da cana-de-açúcar (ATHAYDE et al., 1984; MIRANDA, 1992; TANIMOTO, 2002).

A cana-de-açúcar é colhida geralmente no período compreendido entre maio e outubro e o seu plantio, normalmente é efetuado, entre os meses de janeiro e abril. Para as áreas de reforma do canavial, a semeadura da soja deve ser efetuada, nos meses de setembro e outubro e, assim, a colheita deve acontecer impreterivelmente, de fevereiro a março. Nesse sistema, a

receita da soja cobre, em parte, os custos da produção da cana, além de dispensar a adubação nitrogenada na cana-planta (ATHAYDE et al., 1984).

A avaliação de linhagens potenciais para o Estado de São Paulo pertencentes aos grupos precoce e semi-precoce constitui-se em uma atividade de pesquisa importante, pois ao mesmo tempo em que este grupo é o mais preferido pelos produtores paulistas, também é o grupo de maior sensibilidade à época de semeadura devido ao seu maior fotoperíodo crítico (CÂMARA et al., 1997). Dentro do contexto, torna-se necessária a obtenção de novas cultivares de soja precoces, para atender a demanda nas áreas de reforma de canavial (MAURO; COSTA; PARECIN, 1999).

2.5 Genética da soja quanto ao ciclo

No estudo da herança do florescimento e maturidade no genótipo “Clark”, observou-se que pares de genes independentes E_1/e_1 e E_2/e_2 , afetavam o tempo para florescimento e maturação. Um terceiro gene e_3 , tem um efeito maior no tempo para florescimento e maturação, quando os genótipos que o possuem são cultivados sob condições de dias curtos. O alelo dominante (E_3) apresentou resposta sensível pelo atraso observado no florescimento e na maturidade, enquanto que o alelo recessivo (e_3) teve resposta insensível, apresentando maturidade precoce (BERNARD, 1971); entre os genótipos de soja cultivados em latitudes iguais ou maiores que 40° predomina a constituição genética e_3e_3 , fazendo com que o florescimento seja determinado mais pelas temperaturas do que pelo fotoperíodo.

Posteriormente, trabalhando com três cruzamentos para estudar a sensibilidade ao fotoperíodo, Buzzel e Voldeng (1980) denominaram de E_4/e_4 o gene que controla esta característica. Este alelo E_4 confere sensibilidade ao fotoperíodo que, sob condições de dias longos, atrasa o florescimento, enquanto que o alelo e_4 confere a insensibilidade fotoperiódica.

O loco E_5/e_5 foi descrito por McBlain e Bernard (1987), sendo que o alelo E_5 ocasiona atraso na maturidade.

Em estudos realizados com variantes da cultivar Paraná, foi constatado que tanto o florescimento quanto a maturidade precoces são controlados por um gene dominante, designado de E_6 . O alelo E_6 determina precocidade na cultivar Paraná e o alelo e_6 é responsável pelo atraso do florescimento e maturidade nas cultivares Paranagoiana e SS-1 (BONATO; VELLO, 1999a).

Um novo loco para o controle de maturidade e sensibilidade ao fotoperíodo denominado E_7 foi descrito por Cober e Voldeng (2001). Tal loco está intimamente relacionado

com o loco E_1 e genótipos homozigóticos para o alelo dominante (E_7E_7) apresentaram atraso no florescimento e maturidade e sensibilidade a longos fotoperíodos produzidos por lâmpadas incandescentes, enquanto o genótipo e_7e_7 resultou em florescimento e maturidade precoces e menor sensibilidade ao fotoperíodo longo produzido pelo mesmo tipo de lâmpadas. Cober et al. (2010) descreveu posteriormente o gene E_8 como sendo um novo loco responsável pelo controle genético da maturidade. Genótipos E_8E_8 resultaram no atraso da maturidade, enquanto que os genótipos e_8e_8 resultaram em maturidade precoce. O alelo e_8 provavelmente tem sua origem na PI-438477, que foi identificada como insensível ao fotoperíodo por Polson (1972).

Em estudos mais recentes, foi relatado que a população F_2 em cruzamentos de duas linhagens que apresentam período juvenil longo, Paranagoiana (e_6e_6) e PI-159925 (jj), exibiu uma taxa de segregação de 15 plantas precoces para 1 tardia, confirmando que o modelo requer no mínimo dois locos para o caráter período juvenil longo (COBER et al. 2010).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de condução dos experimentos

Os experimentos foram realizados nas Estações Experimentais: ESALQ-sede (ESALQ), Fazenda Areão (Areão) e Estação Experimental Anhumas (Anhumas), locais estes localizados em áreas administradas pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Estas áreas localizam-se no município de Piracicaba – SP, com latitude aproximada de 22°42’30’’S, longitude 47°38’00’’W e altitude de 546 m. A região apresenta uma média anual pluviométrica de 1.230mm e as temperaturas médias mensais variam de 25,4°C no verão a 17,9°C no inverno, com média anual de 21,6°C.

O principal contraste entre os três locais é representado pelos diferentes tipos de solo: a) ESALQ: solo tipo nitossolo vermelho eutrófico (terra roxa estruturada) e relevo ondulado; b) Areão: solo tipo podzólico vermelho-amarelo distrófico, textura médio-argilosa, relevo ondulado e distante cerca de 5 km da ESALQ; c) Anhumas: solo do tipo latossolo amarelo distrófico, contendo 72% de areia, 20% de argila e 8% de silte, um pH médio de 6,4 pós-correção com calcário dolomítico, relevo plano e distante cerca de 60 km da ESALQ; trata-se de um local semelhante aos encontrados nos cerrados do Brasil Central.

3.2 Material genético

Este trabalho baseia-se principalmente em avaliações experimentais realizadas nos anos agrícolas 2010/11 a 2013/14, utilizando as gerações avançadas ($F_{2:4}$, $F_{2:5}$, $F_{5:6}$, $F_{5:7}$) de 49 cruzamentos realizados em 2007/08 como parte do “Programa 23” do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA), Departamento de Genética, ESALQ/USP, em Piracicaba – SP, compreendendo um dialelo parcial 7x7, entre dois grupos de genitores que apresentaram características complementares e interessantes para um programa de melhoramento. As gerações F_2 e $F_{2:3}$ foram pesquisadas por Oliveira (2011), respectivamente em 2008/09 e 2009/10, principalmente para produtividade de óleo e reação a *Fusarium solani* f.sp. *glycines* (podridão vermelha das raízes ou PVR). Foram feitas comparações entre todas as gerações, incluindo-se as gerações F_2 e $F_{2:3}$, conforme detalhes apresentados mais adiante. Os 14 genitores do dialelo, bem como suas genealogias são apresentados na Tabela 1 e os detalhes dos cruzamentos na Tabela 2.

Em todas as gerações, além do experimento principal com progênies e ou linhagens também foi conduzido um experimento adicional com os genitores, em delineamento de blocos

ao acaso e com testemunhas comuns, permitindo assim comparações entre genitores e progênes ou linhagens derivadas dos cruzamentos.

As testemunhas utilizadas em todos os experimentos foram as cultivares MG/BR-46 Conquista (T01), M-Soy6101 (T02), FMT-Tucunaré (T03) e UFVS2002 (T04). A partir do ano agrícola 2011/12 incluiu-se a linhagem experimental CB 07-958-B (T05), gentilmente autorizada pela Tropical Melhoramento & Genética (TMG) com sede em Cambé, Paraná.

3.3 Caracteres agronômicos avaliados

Foram avaliados caracteres agronômicos relevantes para a cultura da soja, sendo este procedimento realizado mediante observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura. Os principais caracteres considerados nas avaliações foram:

3.3.1 Produtividade de grãos (PG)

Avaliada originalmente em g.parcela^{-1} após a colheita na maturidade, trilhagem das plantas da área útil de cada parcela, pré-secagem dos grãos em ambiente de laboratório, com ventilação e à sombra até a estabilização da umidade em aproximadamente 13% e, finalmente, a pesagem dos grãos. Devido ao diferente tamanho de parcelas utilizados nas diferentes gerações, os dados foram padronizados em kg.ha^{-1} . Nas fases de seleção de plantas individuais, foi considerada a produtividade de grãos em gramas por planta trilhada.

3.3.2 Peso de cem sementes (PCS)

O PCS foi obtido através da retirada ao acaso de uma amostra de 100 sementes sadias do material colhido na parcela, efetuando-se a pesagem em uma balança de precisão e apresentado em gramas (g). O PCS permite estimar de forma indireta o tamanho aproximado das sementes, admitindo-se que a densidade das sementes é semelhante entre os genótipos estudados.

3.3.3 Número de dias para a maturidade (NDM)

A avaliação do NDM foi realizada de acordo com a proposta de estádios de desenvolvimento para a cultura da soja (Tabela 3). Compreende o intervalo entre o número de dias da emergência até a maturidade, definida pelo momento em que 95% das vagens da área

útil da parcela estiverem maduras (R_8) e com coloração típica da cultivar (FEHR e CAVINESS, 1977).

3.3.4 Altura da planta na maturidade (APM)

Foi considerada como sendo a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de plantas tomadas aleatoriamente na parcela quando estas se encontravam no estágio reprodutivo R_8 , no qual 95% de vagens atingiram a cor de vagem madura.

3.3.5 Acamamento (AC)

Indica a inclinação da haste principal na maturidade, obedecendo a uma escala de notas visuais de 1 (ereta) a 5 (acamada), considerando também as porcentagens relativas destes dois tipos de plantas nas parcelas (Tabela 4; SEDIYAMA et al., 1993). Considera-se planta acamada aquela que apresentar um ângulo maior de 45° de inclinação em relação à vertical. As notas foram atribuídas a plantas que representem a média da parcela.

3.3.6 Valor Agronômico (VA)

A avaliação foi realizada no estágio R_8 de desenvolvimento das plantas, com uma escala de notas visuais variando de 1 (plantas com baixo potencial produtivo e aspecto agronômico ruim) a 5 (plantas com alto potencial produtivo e aspecto agronômico ótimo). Esta nota é subjetiva e atribuída aos genótipos em estudo comparando-os com as cultivares utilizadas como testemunhas.

O VA representa um índice visual que envolve características como a arquitetura das plantas, quantidade de ramificações, altura de inserção da primeira vagem, vagens bem granadas e distribuídas uniformemente ao longo de toda a planta, altura (mínimo de 60 cm), vigor e sanidade das plantas, aspecto visual da parcela como um todo e quantidade de vagens (potencial para alta produtividade).

Um ideótipo desejável de planta de soja para proporcionar alta produtividade de grãos deve reunir: estatura de planta igual ou superior a 0,65 m; inserção dos primeiros legumes superior a 0,10 m; resistência a doenças, insetos, nematoides, acamamento e deiscência normal ou não-prematura (COSTA, 1996).

3.3.7 Notas de Ferrugem (NF)

A partir da geração F_{5,6} realizou-se também a avaliação da severidade de ferrugem de acordo com uma escala diagramática baseada na área foliar afetada (escala de 1 a 6, Figura 1; GODOY; KOGA; CANTERI, 2006). Foram realizadas três avaliações dentro do período reprodutivo, iniciando-se assim que os primeiros sintomas da doença foram detectados e com intervalos de sete dias entre as avaliações. Os dados foram anotados como notas de ferrugem da primeira (NF1), da segunda (NF2) e da terceira avaliação (NF3).

3.3.8 Taxa de Reação à Ferrugem (TRF)

A TRF foi estimada de forma semelhante ao proposto por Araújo e Vello (2010) para os caracteres PG, PCS, NDM, APM, AC e VA, para cada genótipo e caráter, por meio da diferença entre as médias ajustadas deste genótipo no experimento com aplicação de fungicida que controlam apenas doenças de final de ciclo (DFC) e no experimento com aplicação de fungicidas que controlam as DFC e também a ferrugem asiática da soja (FAS), conforme a expressão:

$$|TRF| = \frac{(DFC) - (FAS)}{(DFC)} \times 100$$

sendo

TRF : Taxa de Reação à Ferrugem, em módulo.

DFC: Média ajustada de um genótipo obtida no experimento com aplicação de fungicida que controla somente doenças de final de ciclo, porém não controla a ferrugem asiática; neste caso, foi utilizado o fungicida Derosal® (benzimidazol).

FAS: Média ajustada de um genótipo obtida no experimento com aplicações de fungicidas que controlam as doenças de final de ciclo e também a ferrugem asiática; neste caso, foram feitas aplicações sucessivas dos fungicidas Ópera® (estrobilurina e triazol) e Nativo® (estrobilurina e triazol); este último foi usado de forma alternada entre anos agrícolas com PrioriXtra® (azoxistrobina, estrobilurina, ciproconazol e triazol).

3.4 Experimentação agrônômica

A Tabela 5 resume as condições experimentais em cada local, ano agrícola e geração de avanço de endogamia das populações provenientes do dialelo parcial 7x7.

Quando ocorreu restrições como por exemplo o número limitado de sementes de cada progênie e ou linhagem, foi utilizado o delineamento experimental de blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956) sem repetições. Este tipo de delineamento tem sido reconhecido como de valor e utilizado na área de melhoramento genético de plantas para a experimentação de um número elevado de genótipos por vários autores, como por exemplo Souza et al. (2006) e Peternelli et al. (2009).

As estimativas de coeficiente de variação experimental (CV) e de herdabilidade (h^2) foram interpretadas e comparadas com uma amostra de estimativas obtidas por outros autores (Tabela 6). O número de trabalhos amostrados (Tabela 6) é relativamente pequeno dentro do universo de trabalhos que apresentam tais estimativas, porém pode ser de valor como uma referência inicial de comparação.

3.4.1 Experimentação de campo com as gerações F_2 e $F_{2:3}$ e teste de progênies $F_{2:4}$

A experimentação agronômica do "Programa 23" do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA) iniciou-se em 2007/08 com os cruzamentos e obtenção de sementes F_1 em casa de vegetação; no inverno de 2008 foi feito o avanço da geração F_1 para F_2 , também em casa de vegetação. Oliveira (2011) conduziu e avaliou as gerações F_2 e $F_{2:3}$ em pesquisas no campo experimental respectivamente em 2008/09 e 2009/10 e, também, realizou no inverno de 2010, em casa de vegetação, um teste de progênies $F_{2:4}$ com inoculação para avaliar a reação a PVR em casa de vegetação. Além disso, Oliveira (2011) também submeteu progênies $F_{2:4}$ a análises com marcadores moleculares, com a finalidade de detectar ligação entre eles e QTLs de resistência a PVR.

3.4.2 Experimentação de campo com a geração $F_{2:4}$

Em 2010/11 foi realizada a semeadura de dois experimentos na estação experimental Anhumas, a partir da seleção de 980 progênies $F_{2:4}$ provenientes do trabalho realizado por Oliveira (2011).

Cada experimento foi instalado em blocos aumentados de Federer, sem repetições e com 49 conjuntos experimentais, um conjunto para cada cruzamento dialélico. Dentro de cada conjunto foram alocados 20 progênies de um mesmo cruzamento e quatro testemunhas comuns. As parcelas foram compostas de uma fileira de cinco metros de comprimento e espaçadas de 50 cm.

Os dois experimentos foram instalados em áreas contíguas, na mesma data e receberam manejos distintos de fungicidas. No primeiro experimento foi realizada a aplicação do fungicida Derosal, que controla doenças de final de ciclo (DFC), porém não controla a ferrugem asiática (FAS). No segundo experimento foram realizadas aplicações sucessivas dos fungicidas Opera e Nativo, os quais controlam tanto as DFC quanto a FAS.

Nessa geração, foram avaliados os caracteres PG (item 3.3.1), PCS (item 3.3.2), NDM (item 3.3.4) e TRF (item 3.3.8). Após a análise dos dados destes caracteres, realizou-se a seleção das melhores dez progênies dentre as 20 progênies de cada cruzamento ($p = 50\%$) avaliadas em um determinado conjunto experimental; os critérios de seleção foram alta PG, tolerância a ferrugem (TRF próxima de zero) e precocidade.

3.4.3 Experimentação da geração $F_{2:5}$

As dez progênies $F_{2:5}$ derivadas das progênies $F_{2:4}$ selecionadas em cada um dos 49 cruzamentos, ou seja, um total de 490 progênies $F_{2:5}$ foram cultivadas no ano agrícola 2011/12, na fazenda Areão.

A estratégia de se conduzir dois experimentos vizinhos com diferentes manejos de fungicidas também foi empregada nessa geração, com a finalidade de se estimar TRF (item 3.3.8). Cada experimento foi delineado em blocos aumentados de Federer (sem repetições), estratificando-se as 490 progênies em sete conjuntos experimentais. Em cada conjunto foram alocadas 70 progênies (dez progênies x sete cruzamentos) e cinco testemunhas comuns, totalizando 75 parcelas. A parcela experimental foi formada por uma fileira de 5,0m x 0,5m. Cada parcela foi avaliada na maturidade para os caracteres NDM, APM, AC, VA, EST, PG, PCS (item 3.3), para os quais foram estimadas as TRF (item 3.3.8).

Nesta geração, no experimento com manejo “DFC” (sem controle da FAS) realizou-se a seleção inicial de cinco plantas individuais com valor agrônomo favorável e evidências visuais de tolerância a FAS dentro de cada progênie. Cada planta selecionada foi trilhada individualmente e avaliada para PG em $g.planta^{-1}$ e, finalmente, as duas plantas $F_{2:5}$ superiores em PG foram selecionadas em cada progênie para formar as linhagens $F_{5:6}$.

3.4.4 Experimentação da geração $F_{5:6}$

As sementes das duas plantas individuais selecionadas como mais produtivas deram origem a duas linhagens $F_{5:6}$ para cada uma das 490 progênies da geração anterior, totalizando 980 linhagens $F_{5:6}$, as quais foram avaliadas em 20012/13 na fazenda Areão.

Utilizou-se a mesma estratégia já empregada nas gerações anteriores de se conduzir dois experimentos vizinhos com diferentes manejos de fungicidas, com a finalidade de se estimar a TRF para cada genótipo.

Os dois experimentos foram delineados em blocos aumentados de Federer (sem repetições). Em cada experimento, as 980 linhagens $F_{5:6}$ foram estratificadas em 17 conjuntos experimentais formados por 65 parcelas. Cada um dos 16 primeiros conjuntos recebeu três cruzamentos, cada um deles representado por 20 linhagens $F_{5:6}$ (duas linhagens de cada progênie $F_{2:5}$) e cinco testemunhas comuns. No último conjunto (17º), foram alocadas 20 progênies do cruzamento 49, as cinco testemunhas comuns e mais 40 linhagens adicionais selecionadas entre as mais destacadas e, assim, completando-se as 65 parcelas deste conjunto. A parcela experimental foi formada por uma fileira de plantas de 2,0m x 0,5m e foram avaliados os mesmos caracteres descritos para a geração anterior, incluindo-se as notas de severidade de ferrugem.

Após as avaliações, foi realizada seleção entre linhagens, em duas etapas: na primeira etapa, com base na média das duas linhagens $F_{5:6}$ representantes de cada progênie $F_{2:5}$ foram selecionadas as cinco progênies superiores de cada cruzamento; na segunda etapa, foi selecionada a melhor das duas linhagens representantes de cada uma das cinco progênies selecionadas na primeira etapa, resultando em cinco linhagens $F_{5:6}$ selecionadas em cada cruzamento e totalizando 245 linhagens $F_{5:6}$ selecionadas nos 49 cruzamentos.

3.4.5 Experimentação da geração $F_{5:7}$

As sementes de cada linhagem $F_{5:6}$ selecionada na geração anterior originaram uma linhagem $F_{5:7}$. Em 2013/14, as 245 linhagens $F_{5:7}$ selecionadas nos 49 cruzamentos foram avaliadas em dois locais (ESALQ e Areão), com duas repetições por local. Seguindo-se a mesma estratégia empregada nas gerações anteriores, em cada local foram conduzidos dois experimentos vizinhos com diferentes manejos de fungicidas, com a finalidade de se estimar a TRF para cada genótipo. Portanto, foram conduzidos quatro experimentos (2 locais x 2 experimentos) em 2013/14.

Os experimentos seguiram o delineamento de blocos casualizados (DBC), sendo que cada repetição foi subdividida em conjuntos com testemunhas comuns segundo o modelo de blocos aumentados de Federer. Em cada experimento, as 245 linhagens experimentais $F_{5:7}$ foram estratificadas em sete conjuntos experimentais, sendo cada conjunto formado por 35 linhagens (cinco linhagens de um cruzamento x sete cruzamentos) e cinco testemunhas comuns, de maneira semelhante ao descrito na geração anterior. A parcela experimental foi

representada por uma fileira de plantas de 2,0m x 0,5m. Foram avaliados os mesmos caracteres descritos para a geração anterior.

3.5 Análise dos dados

As análises dos dados obtidos foram realizadas com auxílio dos programas computacionais SAS[®] -Statistical Analysis System (SAS INSTITUTE INC., 2008), GENES (CRUZ, 2009) e R (R CORETEAM, 2014)

3.5.1 Análise de variância

As análises foram realizadas considerando-se as experimentações realizadas em cada ano e posteriormente pela análise conjunta. Para se realizar inferências sobre o comportamento da variação das progênies / linhagens de cada cruzamento, também foram realizadas as análises dentro de cruzamentos.

3.5.1.1 Análises por anos agrícolas

Uma forma alternativa de se agrupar os experimentos e que permite comparações entre os experimentos em que houve diferentes tipos de controle da ferrugem asiática no mesmo local é a realização de análises por ano agrícola ou por geração. Desta forma, procederam-se as análises segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + f_k + g_i + (f \times g)_{ik} + r_j(f_k) e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : média ajustada da parcela experimental referente ao genótipo “i” na repetição “j” dentro do experimento “k”;

μ : é o efeito fixo da média geral;

f_k : é o efeito fixo do fungicida “k”; sendo $k = 1, 2$ (FAS e DFC respectivamente);

g_i : é o efeito fixo do genótipo “i”; sendo $i = 1, \dots, n$;

$(f \times g)_{ik}$: efeito da interação entre o fungicida “k” e o genótipo “i”;

$r_j(f_k)$: é o efeito aleatório do conjunto j, dentro do experimento “k” sendo $(j = 1, 2 \dots r)$;

e_{ijk} : é o efeito aleatório do resíduo experimental associado à parcela “ijk”, $NID(0, \sigma^2)$;

3.5.1.2 Análise conjunta

Após a realização das análises desdobradas por anos, realizou-se a análise conjunta envolvendo os experimentos dos anos agrícolas 2010/11 (geração $F_{2:4}$), 2011/12 (geração $F_{2:5}$), 2012/13 (geração $F_{5:6}$) e 2013/14 (geração $F_{5:7}$).

O fato dos experimentos terem sido realizados nos anos agrícolas de 2010/11, 2011/12 e 2012/13 em apenas um local e no ano agrícola 2013/14 em dois locais acarreta na impossibilidade de se estimar a interação anos x locais, bem como as interações anos x locais x genótipos, anos x locais x fungicidas e a interação quádrupla anos x locais x fungicidas x genótipos. Para contornar a situação, foram realizadas duas análises conjuntas para permitir a interpretação de todas as fontes de variação possíveis de serem calculadas.

A primeira análise realizada considerou os anos e desconsiderou locais, segundo o modelo abaixo:

$$Y_{skjmi} = \mu + a_s + f_k + r_j(f_k) + c_m(r_j) + g_i + (g \times a)_{is} + (g \times f)_{ik} + (a \times f)_{sk} + (g \times a \times f)_{isk} + e_{sjmki}$$

Em que:

Y_{skjmi} : média ajustada da parcela experimental referente ao genótipo “i” no ano “s”, fungicida “k”, repetição “j”, e conjunto “m”.

μ : é o efeito fixo da média geral;

a_s : é o efeito fixo do ano “s”; sendo $s = 1, \dots, m$;

f_k : é o efeito fixo do fungicida “k”; sendo $k = 1, 2$ (FAS e DFC respectivamente);

$r_j(f_k)$: é o efeito aleatório da repetição j, dentro do fungicida “k”;

$c_m(r_j)$: é o efeito aleatório do conjunto m, dentro da repetição “j”;

g_i : é o efeito fixo do genótipo “i”; sendo $i = 1, \dots, n$;

$(g \times a)_{is}$: efeito da interação entre o ano “s” e o genótipo “i”;

$(g \times f)_{ik}$: efeito da interação entre o fungicida “k” e o genótipo “i”;

$(a \times f)_{sk}$: efeito da interação entre o fungicida “k” e o ano “s”;

$(g \times a \times f)_{isk}$: efeito da interação tripla entre o genótipo “i”, o ano “s” e o fungicida “k”;

e_{njmki} : é o efeito aleatório do resíduo experimental associado à parcela “njmki”, $NID(0, \sigma^2)$;

A segunda análise considerou os locais e desconsiderou anos, e segue o modelo:

$$Y_{skjmi} = \mu + l_n + f_k + r_j(f_k) + c_m(r_j) + g_i + (g \times l)_{in} + (g \times f)_{ik} + (l \times f)_{nk} \\ + (g \times l \times f)_{ink} + e_{njmki}$$

Em que:

Y_{nkjmi} : média ajustada da parcela experimental referente ao genótipo “i” no local “n”, fungicida “k”, repetição “j”, e conjunto “m”.

μ : é o efeito fixo da média geral;

l_n : é o efeito fixo do local “n”;

f_k : é o efeito fixo do fungicida “k”; sendo $k = 1, 2$ (FAS e DFC respectivamente);

$r_j(f_k)$: é o efeito aleatório da repetição j, dentro do fungicida “k”;

$c_m(r_j)$: é o efeito aleatório do conjunto m, dentro da repetição “j”;

g_i : é o efeito fixo do genótipo “i”; sendo $i = 1, \dots, n$;

$(g \times l)_{in}$: efeito da interação entre o local “n” e o genótipo “i”;

$(g \times f)_{ik}$: efeito da interação entre o fungicida “k” e o genótipo “i”;

$(l \times f)_{sk}$: efeito da interação entre o fungicida “k” e o local “n”;

$(g \times l \times f)_{ink}$: efeito da interação tripla entre o genótipo “i”, o local “n” e o fungicida “k”;

e_{njmki} : é o efeito aleatório do resíduo experimental associado à parcela “njmki”, $NID(0, \sigma^2)$;

3.5.1.3 Análises dentro de cruzamentos

Para analisar o comportamento da variação presente dentro dos cruzamentos e também dentro de testemunhas (nesse caso, variação ambiental), foram realizadas análises de variância para progênies e ou linhagens dentro de cruzamentos para cada ano.

A análise geral por anos, considerando a variação de todas as progênies e ou linhagens em cada geração foi realizada pelo seguinte modelo:

$$Y_{ik} = \mu + f_k + g_i + e_{ik}$$

Em que:

Y_{kj} : média ajustada da parcela experimental referente ao genótipo “i” dentro do experimento “k”;

μ : é o efeito fixo da média geral;

f_k : é o efeito fixo do fungicida “k”; sendo $k = 1, 2$ (FAS e DFC respectivamente);

g_i : é o efeito fixo da progênie e ou linhagem “i”; sendo $i = 1, \dots, m$; m = total de progênies/linhagens estudados na geração;

e_{ik} : é o efeito aleatório do resíduo experimental associado à parcela “ik”, $NID(0, \sigma^2)$;

Além da análise geral, foram realizadas as análises dentro dos cruzamentos e dentro das testemunhas em cada ano agrícola. Dessa forma, é possível observar o comportamento da variação dentro de cada cruzamento, bem como estimar a variação ambiental, obtida pela média das variâncias dentro de cada testemunha. O modelo utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + f_k + p_j + e_{ik}$$

Em que:

Y_{kj} : média ajustada da parcela experimental referente ao genótipo “i” dentro do experimento “k”;

μ : é o efeito fixo da média geral;

f_k : é o efeito fixo do fungicida “k”; sendo $k = 1, 2$ (FAS e DFC respectivamente);

p_j : é o efeito fixo da progênie/linhagem “j”; sendo $j = 1, \dots, n$; n = total de progênies e ou linhagens dentro de cada cruzamento e ou testemunha;

e_{jk} : é o efeito aleatório do resíduo experimental associado à parcela “jk”, $NID(0, \sigma^2)$;

Os QM obtidos para a fonte de variação progênies e ou linhagens dentro de cruzamentos foram testados com o resíduo médio dentro de cruzamentos. Esse resíduo foi estimado pela média ponderada pelos respectivos graus de liberdade dos resíduos das 49 análises individuais dentro de cruzamentos em cada ano agrícola.

3.5.2 Procedimento para comparações múltiplas: método de agrupamento de médias de Scott e Knott (SK)

O procedimento de Scott e Knott (1974) utiliza a razão de verossimilhança para testar a significância de que os “n” tratamentos podem ser divididos em dois grupos que maximizem a soma de quadrados entre grupos (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2005).

Segundo o procedimento adotado por Cruz (2009) para se realizar o teste de agrupamento de Scott Knott deve-se obter:

$$\lambda = \frac{\pi B_0}{2(\pi - 2)\sigma_0^2}$$

sendo,

B_0 : valor máximo da soma de quadrados entre grupos, considerando-se todas as partições possíveis dos “g” tratamentos (no caso genótipos) em dois grupos. Existem $(2^{g-1} - 1)$ partições possíveis das “g” médias dos tratamentos em dois grupos. Entretanto, é possível obter B_0 a partir da análise de “g-1” partições formadas pela ordenação das “g” médias, das quais se estabelecem os grupos.

σ_0^2 : variância obtida por meio de:

$$\sigma_0^2 = \frac{1}{g + v} \left[\sum_{i=1}^g (\bar{Y}_i - \bar{Y})^2 + v \cdot s^2 \frac{2}{y} \right]$$

$\bar{Y}_i$: média do tratamento i (i= 1, 2, ...g);

$\bar{Y}$: média geral dos tratamentos a serem separados;

g: número de médias a serem separadas;

v: número de graus de liberdade do resíduo; e

$v \cdot s^2 \frac{2}{y} = \frac{QMR}{r}$, sendo QMR = quadrado médio do resíduo e “r” o número de observações

que deram origem as médias a serem agrupadas.

A regra de decisão para estabelecer os grupos pode ser dada por:

Se $\lambda < \chi^2_{(\alpha, v_0)}$, todas as médias são consideradas homogêneas, não havendo mais partições dentro do grupo considerado.

Se $\lambda \geq \chi^2_{(\alpha, v_0)}$, os dois grupos diferem significativamente. Estes dois grupos devem ser testados, separadamente, para novas possíveis divisões. O teste prossegue até que sejam encontrados grupos com apenas uma média e ou grupos de médias homogêneas.

O valor de qui-quadrado referencial é estabelecido em função do nível de significância α preestabelecido e do número de graus de liberdade, que é dado por:

$$v_0 = \frac{g}{\pi - 2}$$

O teste foi aplicado para permitir o agrupamento de médias, utilizando-se os softwares GENES (CRUZ, 2009) e R (R CORE TEAM, 2014), através do pacote “Experimental Designs” (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2011)

3.5.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

O coeficiente de herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos mais úteis para o trabalho dos melhoristas, podendo ser conceituado como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total (VENCOVSKY e BARRIGA 1992; RAMALHO et al., 2012). Este parâmetro está fortemente relacionado com os ganhos de seleção, sendo que quanto maior a herdabilidade de um caráter, maior a chance de sucesso na seleção.

A herdabilidade no sentido amplo pode ser obtida pela expressão:

$$h_a^2 = \frac{V_G}{V_F} \times 100$$

Sendo: V_G a variância genética e V_F a variância fenotípica de um caráter.

De forma análoga, as herdabilidades no sentido amplo foram estimadas através da expressão:

$$h_a^2 = \frac{V_{dc} - V_t}{V_F} \times 100$$

sendo:

h_a : coeficiente de herdabilidade no sentido amplo

V_{dc} : variância fenotípica estimada pela variância dentro de cruzamentos.

V_t : variância ambiental pela média das variâncias dentro de testemunhas.

3.5.4 Estimativas dos ganhos com a seleção

Os ganhos com a seleção foram estimados para cada caráter em relação às linhagens experimentais selecionadas em $F_{5:7}$ e a média dos genitores, a partir das expressões apresentadas por Vencovsky e Barriga (1992), conforme é relatado a seguir.

O diferencial de seleção (ds) foi obtido pela expressão:

$$ds = ms - mg$$

sendo:

ds : diferencial de seleção

ms : média da população selecionada, no caso: 25 linhagens experimentais $F_{5:7}$

mg : média dos genitores que deram origem a cada linhagem experimental

A herdabilidade do caráter possui papel fundamental nas estimativas dos ganhos com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada.

Dessa forma, a herdabilidade no sentido amplo obtida na geração F_{5:7} foi empregada para a mensuração dos GSg pela expressão:

$$\mathbf{GS_g} = \mathbf{ds} \times \mathbf{h_a^2}$$

sendo:

GSg: ganho de seleção em relação aos genitores

ds: diferencial de seleção

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_{5:7}

Para proporcionar comparações entre os genitores, foram realizadas comparações entre a média dos genitores e também entre a média do melhor genitor de cada cruzamento, utilizando-se as seguintes expressões:

$$\mathbf{GSmg} = \frac{(\mathbf{ms} - \mathbf{m_{genitores}}) \times \mathbf{h_a^2}}{\mathbf{m_{genitores}}}$$

Em que:

GSmg: ganho de seleção em relação à média dos genitores

ms: média do genótipo selecionado

$m_{genitores}$: média dos genitores que deram origem ao genótipo

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_{5:7}

$$\mathbf{GSgs} = \frac{(\mathbf{ms} - \mathbf{m_{genitor superior}}) \times \mathbf{h_a^2}}{\mathbf{m_{genitor superior}}}$$

Em que:

GSgs: ganho de seleção em relação ao genitor superior

ms: média do genótipo selecionado

$m_{genitor superior}$: média dos genitor superior que deu origem aos genótipos

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_{5:7}

Entre as metodologias propostas para a seleção de múltiplos caracteres, a utilização de índice de seleção de soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978) destaca-se pela facilidade de aplicação e pela eficiência na seleção de genótipos superiores. O princípio do índice consiste na transformação das médias fenotípicas ajustadas dos genótipos para cada caráter de acordo com o interesse do melhorista. No presente trabalho, por exemplo, o posto de menor valor (posto = 1) para o caráter PG foi atribuído ao genótipo de maior produtividade de grãos; já para o caráter NDM, o menor posto foi atribuído ao genótipo mais precoce (menor NDM). A partir dos postos das progênie para cada característica, realizou-se a soma dos mesmos para cada progênie. Assim, os genótipos “superiores” apresentarão os menores valores de soma de postos. Essa metodologia têm sido utilizada com sucesso em espécies autógamas para a seleção para múltiplos caracteres, como por exemplo nos trabalhos desenvolvidos por Costa et al. (2004) na cultura da soja e Carvalho et al. (2013) em feijoeiro.

3.5.5 Capacidade média de combinação em soja

Entre as ferramentas empregadas para a análise genética em soja, destacam-se as metodologias que permitem as estimativas das capacidades de combinação dos genitores através de análises dialélicas, que têm sido amplamente empregados com sucesso no melhoramento de plantas, sendo comum encontrar na literatura adaptações para diferentes situações, como os modelos sugeridos para análises de dialelos parciais por Geraldi e Miranda Filho (1988) e a adaptação para F_2 proposta por Viana, Cruz e Cardoso (1999). As aplicações dessas metodologias têm sido realizadas com sucesso, como por exemplo nos trabalhos desenvolvidos por Amorim (2011), Fronza, Vello e Camargo (2004) e Oliveira et al. (2014).

Alguns estudos indicam haver heterose em híbridos F_1 de soja para vários caracteres agronômicos de importância (COLOMBARI, GERALDI; BARONA, 2010 ; PANDINI; VELLO; LOPES, 2001, 2002), porém a produção de híbridos de soja é dificultada principalmente pela necessidade de realização de cruzamentos manualmente e pelo baixo número de sementes gerada a partir de um cruzamento, normalmente de 1 a 3 sementes por vagem (MENEZES et al., 1997; PANDINI; VELLO; LOPES, 2002), o que torna inviável a produção de híbridos comerciais na atual conjuntura. Dessa forma, para a cultura da soja, geralmente são exploradas comercialmente “linhagens puras” (com elevado grau de homozigotidade).

Com a intenção de entender melhor as relações genéticas em cruzamentos dialélicos em gerações avançadas de endogamia, alguns trabalhos têm sido realizados procedendo a

estimativa das capacidades médias de combinação (Marques, 2014; Nazato, 2014, Wysmiersky, 2015). Essa metodologia consiste na obtenção das capacidades médias de combinação (CMC) e contribuição por genitor (CpG) dos genitores envolvidos no cruzamento dialélico em qualquer geração, através das seguintes equações:

$$CMC_i = \frac{\sum M_i}{n_i}$$

Em que:

CMC: Capacidade média de combinação do genitor “i”

M_i : Médias dos cruzamentos envolvendo o genitor “i”

n_i : Número de cruzamentos envolvendo o genitor “i”

$$CpG_i = CMC_i - M_{..}$$

Em que:

CpG_i : Contribuição do genitor “i” para a média do caráter

CMC: Capacidade média de combinação do genitor “i”

$M_{..}$: Média geral dos cruzamentos do dialelo

3.5.6 Coeficientes de correlação fenotípica

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres combinados dois a dois foram utilizadas as expressões apresentadas por Cruz e Regazzi (2004). Inicialmente, utilizando apenas os dados das progênies, procedeu-se à obtenção das estimativas das variâncias fenotípicas para cada caráter e as covariâncias fenotípicas entre os possíveis pares de caracteres. A obtenção das estimativas de covariância fenotípica foi realizada por meio dos produtos médios:

$$r_{F(x,y)} = \frac{COV_{F(x,y)}}{\sqrt{V_{F(x)}^2 \cdot V_{F(y)}^2}}$$

Em que:

$r_{F(x,y)}$: coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres x e y;

$COV_{F(x,y)}$: covariância fenotípica entre os caracteres x e y;

$V_{F(x)}^2$ e $V_{F(y)}^2$: variâncias fenotípicas dos caracteres x e y.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância (ANOVA's) – Análises por cruzamentos

4.1.1 Experimentação do ano agrícola 2010/11 – Geração $F_{2:4}$

Os coeficientes de variação foram de 28% para PG e 11% para PCS (Tabela 7). Para PG, o CV pode ser considerado de média magnitude, enquanto que para PCS apesar de ser um valor baixo, o mesmo é superior aos valores obtidos por outros autores em estudos similares (AMORIM, 2011; MARQUES, 2014; MEDEIROS, 2009; OLIVEIRA et al., 2014; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010;).

Para PG e PCS, a fonte de variação fungicidas foi significativa a 1%, indicando diferença entre os dois manejos de fungicidas para os dois caracteres. O experimento que utilizou fungicidas para controle das doenças de final de ciclo e ferrugem asiática (FAS) apresentou produtividade de grãos maior ($TRF = 11\%$) quando comparado ao experimento em que houve o controle apenas das doenças de final de ciclo (DFC). Houve também efeito significativo entre os dois manejos de fungicidas pra PCS, o que contribuiu para a aceitação da hipótese da ação da ferrugem asiática no sentido de reduzir o tamanho das sementes (PCS), componente importante da produtividade. Esses resultados são esperados, uma vez que plantas infectadas apresentam desfolha precoce, comprometendo a formação e o enchimento de vagens e o peso final do grão, e consequentemente maior perda de rendimento e de qualidade (YANG et al., 1991). A interação Fungicidas x Cruzamentos foi não significativa, indicando um comportamento constante dos cruzamentos nos dois manejos utilizados.

Foram detectadas diferenças entre os grupos de genótipos (C vs T) estudados, sendo a média das testemunhas ($3354 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$; 15,4 g) superior à média dos cruzamentos ($3309 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, 14,3 g) para PG e PCS respectivamente. As testemunhas empregadas são cultivares comerciais, enquanto que os cruzamentos são representados por progênies $F_{2:4}$, que estão em etapa intermediária de melhoramento, exibindo variabilidade entre (fonte de variação “cruzamentos” significativa) e dentro dos cruzamentos (Tabelas 19 e 20), indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores no decorrer das etapas do programa de melhoramento.

A herdabilidade no sentido amplo estimada para PG foi de 55% (Tabela 7), semelhante às aquelas encontradas em estudos semelhantes, que apresentam estimativas com média de 52% e desvio padrão de aproximadamente 18% (Tabela 06). Para PCS, o valor estimado de 79% (Tabela 7) está de acordo com os demonstrados na literatura (Tabela 6).

4.1.2 Experimentação do ano agrícola 2011/12 – Geração F_{2:5}

Os resumos das análises de variância para a geração F_{2:5} são apresentados nas Tabelas 8 (caracteres PG, PCS e NDM) e 9 (caracteres APM, AC e VA). Os coeficientes de variação encontrados estão de acordo com os encontrados em estudos similares, com destaque para PG com CV =12%, podendo ser considerado relativamente baixo para o caráter quando comparado com os valores obtidos por outros autores (Tabela 6).

De acordo com as Tabelas 8 e 9, o efeito de fungicidas foi significativo para PG, PCS, NDM e AC, porém não foram encontradas diferenças significativas entre fungicidas para APM e VA. O manejo FAS apresentou média 25% superior de PG comparado ao manejo DFC, evidenciando o efeito negativo da ferrugem sobre a produtividade de grãos, resultado semelhante aos encontrados por Araújo e Vello (2010), Marques (2014), Medeiros (2009) e Wysmierski (2015). A TRF para peso de cem sementes foi de -10%, indicando que a ferrugem também reduziu o tamanho das sementes, mas em menor proporção do que a PG. Notou-se a diminuição do ciclo dos genótipos no manejo DFC em 1% em média (de 140 para 141 dias); esta tendência da redução do ciclo devido à ação da ferrugem asiática tem sido relatada na literatura (OLIVEIRA; GODOY; MARTINS, 2005; WYSMIERSKI, 2015). Em relação ao AC, os genótipos que receberam o manejo FAS acamaram em média 11% a mais que os genótipos com o manejo DFC.

Foi detectada diferença significativa entre cruzamentos para todos os caracteres (Tabelas 8 e 9). A interação fungicidas x genótipos (F x G) foi significativa para PG e AC, demonstrando haver resposta diferenciada dos genótipos aos dois manejos de fungicidas empregados, enquanto que para PCS, NDM, APM e VA as respostas foram semelhantes entre os dois manejos de fungicidas.

A média dos genótipos estudados para NDM foi relativamente alta (141 dias), fato este que pode ser atribuído a não seleção de genótipos precoces até a geração F_{2:5}.

4.1.3 Experimentação no ano agrícola 2012/13 – Geração F_{5:6}

Os resumos das análises de variância para a geração F_{5:6} são apresentados nas Tabelas 10 (PG, PCS e NDM), 11 (APM, AC e VA) e 12 (NF1, NF2 e NF3). Os coeficientes de variação obtidos são similares aos coeficientes encontrados em outros estudos (Tabela 6).

A utilização dos manejos diferenciados (DFC e FAS) possibilitou discriminar o efeito de fungicidas para PCS, APM e VA. O efeito dos fungicidas serve como estimador do efeito da

ferrugem sobre os genótipos, sendo que a TRF indica, em média, uma redução do PCS em 3%, aumento na APM em 2% e diminuição do VA em 1%.

Para PG, NDM e AC não foram detectadas diferenças significativas entre os dois manejos de fungicidas, os quais apresentaram médias muito similares.

A não significância do contraste entre os grupos de cruzamentos e testemunhas para PG merece destaque nessa geração. Nas gerações iniciais houve sempre a diferenciação entre os grupos, sendo que as testemunhas apresentaram média superior à média dos cruzamentos. Na geração $F_{5:6}$, após passar por diversos ciclos de seleção, não se observou diferenças significativas entre os grupos. Certamente, este fato é uma evidência de que se alcançou sucesso na seleção praticada entre progênies e ou linhagens dentro de cruzamentos.

A Tabela 12 mostra as análises das três avaliações de severidade da ferrugem (NF1, NF2 e NF3) feitas em 2012/13, com intervalos de sete dias, conforme proposta de Godoy, Koga e Canteri (2006). Foi detectada diferença significativa entre cruzamentos e também entre testemunhas; já o contraste cruzamentos *vs* testemunhas não foi significativo, indicando que os dois grupos de genótipos mostraram comportamentos semelhantes para severidade da ferrugem. Os coeficientes de variação foram muito semelhantes nas três avaliações, próximos a 11%. Houve tendência das médias de notas aumentarem levemente na sequência das avaliações (NF1= 1,82 < NF2 = 2,42 < NF3 = 2,68), demonstrando o progresso da doença em relação ao tempo de infecção; além disso, nas três avaliações, as médias dos cruzamentos foram sempre menores do que as médias das testemunhas, indicando a existência de tendência dos cruzamentos serem mais resistentes à ferrugem do que as testemunhas. As estimativas de herdabilidade foram muito baixas e semelhantes nas duas primeiras avaliações ($h^2 = 0,03$ em NF1 e $h^2 = 0,05$ em NF2), mas mostrou aumento relativamente alto em NF3 ($h^2 = 0,16$). Medeiros (2009) relata em seu trabalho que a discriminação genotípica em relação às notas de severidade da ferrugem foi melhor observada na segunda e na terceira avaliações de notas da doença. Com base nos valores maiores de média e de herdabilidade, pode-se considerar ser recomendável avaliar a severidade da ferrugem em NF3, ou seja, após maior tempo de infecção; a mesma evidência foi obtida por Wysmierski (2015), mas com ênfase na maior média e no menor CV em NF3.

4.1.4 Experimentação no ano agrícola 2013/14 – Geração F_{5:7}

As análises de variância dos experimentos conduzidos no ano agrícola 2013/14 de cruzamentos de soja na geração F_{5:7} são apresentadas nas Tabelas 13 (PG, PCS e NDM), 14 (APM, AC e VA) e 15 (NF1, NF2 e NF3).

Os coeficientes de variação encontrados foram similares aos encontrados na literatura (Tabela 6) para PG, PCS, NDM, APM, AC e VA. Para as avaliações da severidade da ferrugem utilizando-se escala diagramática, os coeficientes de variação mostraram maior magnitude na primeira avaliação, chegando a 76%, (Tabela 15) porém reduziu-se para valores moderados e baixos nas segundas e terceiras avaliações, tendência esta semelhante àquela encontrada por Wysmierski (2015). Os efeitos dos fungicidas foram expressivos para PG, PCS, APM, AC e VA, porém a média de NDM foi similar entre os manejos FAS e DFC. O efeito da ferrugem estimado pela TRF foi no sentido de redução da magnitude das médias de PG, PCS e AC e de aumento para APM e VA.

No ano agrícola 2013/14 foi possível comparar os locais Areão e ESALQ, sendo encontradas diferenças significativas para todos os caracteres; em geral, o local Areão apresentou médias inferiores quando comparado ao local ESALQ. O local ESALQ obteve PG aproximadamente 7% superior ao local Areão, enquanto que o NDM médio foi de 134 e 131 dias, respectivamente. As notas de ferrugem foram maiores no local ESALQ nas três observações realizadas, evidenciando maior pressão do patógeno nesse local.

A interação locais x cruzamentos indicou que os genótipos responderam de forma diferenciada dependendo do local avaliado, para a grande maioria dos caracteres, com exceção da segunda avaliação para severidade da ferrugem (NF2). Outra interação que merece destaque é a fungicidas x cruzamentos (F x C), demonstrando tendência de resposta semelhante dos genótipos estudados nos manejos FAS e DFC.

4.1.5 Análise de variância conjunta

Os resumos das análises de variância conjunta são apresentados nas Tabelas 16 (PG, PCS e NDM), 17 (APM, AC e VA) e 18 (NF1, NF2 e NF3).

Os coeficientes de variação encontrados nas análises conjuntas estão pouco acima dos relatados na literatura para PCS e NDM. Para os demais caracteres os CV's encontram-se dentro da faixa de variação encontrada por outros autores em estudos semelhantes (AMORIM, 2011; BACKES ET AL., 2002; ROCHA; VELLO, 1999; GOMES; VELLO; AZEVEDO FILHO, 2004; LOPES et al., 2002; MARQUES, 2014; MEDEIROS, 2009; OLIVEIRA, 2011;

OLIVEIRA et al., 2014; ROSSMANN, 2001 ; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010). Os coeficientes de variação de caracteres com herança quantitativa, como por exemplo PCS e NDM apresentam tendência de serem maiores por serem muito influenciados pelo ambiente. Outro fator que pode ter contribuído nas magnitudes dos coeficientes de variação é o fato da realização de seleção de progênies e ou linhagens dentro de cruzamentos ao longo dos avanços de gerações.

A fonte de variação “anos” é relativa a experimentos conduzidos nos anos agrícolas de 2010/11, 2011/12, 2012/13 e 2013/14, podendo incluir também inferências sobre as gerações de avanço de endogamia ($F_{2:4}$, $F_{2:5}$, $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$, respectivamente), uma vez que estas estão associadas aos anos de condução. A partir das análises de variância conjuntas, foram observadas diferenças entre as médias dos anos/gerações para todos os caracteres. De forma geral, é possível observar que as médias do ano 2012/13 ($PG = 3447 \text{ kg.ha}^{-1}$; $NDM = 129$ dias; $VA = 2,0$) se apresentam agronomicamente superiores quando comparadas com as médias de 2011/12 ($PG = 3312 \text{ kg.ha}^{-1}$; $NDM = 141$ dias; $VA = 1,89$). Tal fato pode ser atribuído à seleção efetuada dentro de progênies $F_{2:5}$ em 2011/12. A partir dessa seleção, observa-se que a média dos cruzamentos variou de aproximadamente +4% para PG, +24% para PCS, -8% para NDM (seleção para precocidade), -5% para APM, +6% para VA e -7% para acamamento, em relação às médias da geração $F_{2:5}$, sendo um indicativo do sucesso da seleção efetuada nessa etapa.

A fonte de variação “locais” indica que houve diferenças significativas entre os locais avaliados para os caracteres PG, PCS, VA, AC, NF1, NF2 e NF3, demonstrando a heterogeneidade entre os ambientes de condução. Anhumas e Areão apresentaram maiores médias de produtividade de grãos (3268 e 3223 kg.ha^{-1}), enquanto que o local ESALQ apresentou média de 2871 kg.ha^{-1} . O local Areão apresentou média de PCS superior aos demais ($15,9 \text{ g}$). Vale ressaltar que o local ESALQ foi avaliado exclusivamente no ano agrícola 2013/14, na geração $F_{5:7}$ e que as médias das linhagens experimentais nessa geração sofreram influência das seleções efetuadas em etapas anteriores.

Nos manejos com dois fungicidas, foram detectadas diferenças entre as médias de todos os caracteres, exceto para VA. Considerando a ação da ferrugem asiática como principal componente da diferença entre os manejos DFC e FAS, pode-se inferir que o efeito da ferrugem asiática da soja estimado pela TRF foi no sentido de reduzir a produtividade de grãos e o peso de cem sementes (semelhantemente ao relatado por MARQUES, 2014 e WYSMIERSKI, 2015) em aproximadamente 9% ($FAS = 3317 \text{ kg.ha}^{-1}$ e $DFC = 3054 \text{ kg.ha}^{-1}$),

antecipar o ciclo da cultura em 0.28% (FAS = 133 e DFC 132 dias), aumentar a APM em 2,33% e de reduzir o acamamento em cerca de 5% (FAS = 1,97 e DFC = 1,88).

A interação anos x fungicidas (A x F) foi significativa para PG, PCS, NDM, APM, VA e AC, demonstrando que o comportamento dos manejos de fungicidas foi diferenciado de acordo com o ano-geração de avaliação. A interação anos x cruzamentos (A x C) segue o mesmo raciocínio. Nesse caso, os cruzamentos apresentaram resultados diferenciados ao longo dos avanços das gerações. Tal comportamento dos cruzamentos indica a dificuldade de seleção de cruzamentos superiores em gerações iniciais visando obter os melhores cruzamentos em gerações avançadas.

Não foi observada a presença da interação locais x fungicidas (L x F) para PG, NDM e APM. Assim, é possível inferir que os manejos DFC e FAS apresentaram comportamentos semelhantes entre os locais.

De acordo com a interação locais x cruzamentos, (L x C) é possível perceber que os cruzamentos reagiram de forma diferenciada perante a variação de locais para todos os caracteres. Esse resultado reafirma a importância de se avaliar os genótipos em diversos ambientes, uma vez que devido à interação genótipos por ambientes, o melhor genótipo para um local pode não ser o melhor para outro.

A interação fungicidas x cruzamentos (F x C) foi significativa para PCS, VA e AC, indicando que os cruzamentos reagiram de forma diferenciada dependendo do manejo de fungicidas.

As interações locais x fungicidas x cruzamentos (L x F x C) e anos x fungicidas x cruzamentos (A x F x C) foram significativas apenas para VA e AC, demonstrando haver comportamento diferencial dos genótipos frente à variação dos ambientes formados pela combinação das fontes de variação envolvidas.

4.2 Variabilidade dentro de cruzamentos em diferentes gerações

A variação entre os cruzamentos é de fundamental importância para a o melhoramento genético de plantas. Os autores da área, como por exemplo Ramalho et al. (2012), Vello et al (1984) e Vencovsky e Barriga (1992), relatam que nas populações com muita variabilidade genética há maior probabilidade de um ou mais genitores envolvidos apresentarem médias menores, sendo possível nestes casos ocorrer redução da média da população descendente. Para se associar variabilidade genética e média altas, torna-se recomendável utilizar estratégias de seleção que explorem a variabilidade genética existente entre e dentro dos cruzamentos.

Nas espécies em que o produto final a ser explorado são linhagens puras, como no caso da soja, a variação entre os cruzamentos tem papel importante, porém a variação dentro de cruzamentos possibilita a seleção de linhagens superiores em gerações avançadas de endogamia com potencial de se tornarem cultivares. Os resultados das análises da variação dentro de cruzamentos são apresentados nas Tabelas 19 a 27 e são discutidos a seguir.

4.2.1 Produtividade de Grãos (PG)

A variação dentro de cruzamentos encontrada para PG foi significativa para todos os anos-gerações, fato que possibilita a seleção de progênies e ou linhagens mais produtivas em um mesmo cruzamento (Tabela 19). A variância média dentro de testemunhas é de natureza ambiental, uma vez que as testemunhas utilizadas são cultivares comerciais derivadas de linhagens puras. Com o auxílio da Figura 2, observou-se que a variância ambiental apresentou pequena oscilação durante os anos estudados, sendo sempre inferiores às magnitudes encontradas para as variâncias fenotípicas dentro de cruzamentos.

De acordo com a Tabela 19, foi detectada variação significativa entre progênies e ou linhagens em 38 dos 49 cruzamentos (78%) em 2010/11 ($F_{2;4}$), 27 (55%) em 2011/12 ($F_{2;5}$), 27 (55%) em 2012/13 ($F_{5;6}$) e 25 (51%) em 2013/14 ($F_{5;7}$). Com a prática de seleção ao longo das gerações de endogamia seria esperada uma tendência de se diminuir o número de cruzamentos com diferenças significativas entre progênies e ou linhagens. Essa redução ocorreu entre as gerações $F_{2;4}$ e $F_{2;5}$ (reduzindo de 38 para 27 cruzamentos com variação dentro significativa), mas manteve-se semelhante nas gerações seguintes.

Percebe-se uma flutuação da variância dentro de cruzamentos para produtividade de grãos no decorrer do avanço de gerações. Essa flutuação pode ser atribuída a alguns fatores, como por exemplo o próprio aumento da endogamia dentro dos cruzamentos com as gerações e, principalmente, a seleção das melhores progênies e ou linhagens efetuada dentro de cada cruzamento.

A queda na variância dentro de cruzamentos entre os anos de 2010/11 e 2011/12 (gerações $F_{2;4}$ e $F_{2;5}$ respectivamente) pode ser atribuída à seleção ($p = 50\%$) de dez progênies melhores entre as 20 que representavam o cruzamento na geração $F_{2;4}$. A variação média dentro de testemunhas também foi reduzida, porém de forma mais branda, indicando que a maior parte da variação fenotípica é de origem genética.

Entre os anos 2011/12 e 2012/13 (gerações $F_{2;5}$ e $F_{5;6}$, respectivamente) tanto a variação ambiental quanto a variação fenotípica dentro de cruzamentos apresentaram pequena oscilação,

indicando que a variação devido a causas genéticas permaneceu em níveis semelhantes nas duas gerações, mesmo após a abertura de progênes, passando de dez progênes $F_{2:5}$ para 20 linhagens $F_{5:6}$.

Entre os anos 2012/13 e 2013/14, quando foram selecionadas as cinco linhagens $F_{5:6}$ superiores para compor a geração $F_{5:7}$, houve elevação na magnitude da variância fenotípica (Tabela 19), passando de $(478.130 \text{ kg.ha}^{-1})^2$ para $(1.024.779 \text{ kg.ha}^{-1})^2$ na variação dentro de cruzamentos, bastante inferior à oscilação da variância ambiental estimada dentro de testemunhas de $(560.924 \text{ kg.ha}^{-1})^2$ para $(288.811 \text{ kg.ha}^{-1})^2$, respectivamente em $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$ (Tabela 19). Uma explicação possível para este aumento de variância fenotípica entre as duas últimas gerações pode ser o fato da seleção ter envolvido vários caracteres.

A quantidade de cruzamentos que apresentou diferenças entre as progênes e ou linhagens dentro de cruzamentos oscilou de forma semelhante à variação fenotípica, assim como as magnitudes das herdabilidades estimadas para PG, que ficaram entre 37 e 76%, ligeiramente superiores às encontradas por outros autores (AMORIM, 2011; BACKES ET AL., 2002; GOMES, VELLO; AZEVEDO FILHO, 2004; MARQUES, 2014; MEDEIROS, 2009; OLIVEIRA, 2011; OLIVEIRA et al., 2014; ROSSMANN, 2001 ; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010).

As médias de PG variaram bastante durante os anos agrícolas, porém o mesmo aconteceu com as médias das testemunhas (Figura 2), indicando a ação do ambiente em todos os genótipos. A análise conjunta (Tabela 16) mostrou diferenças significativas nas produtividades médias entre os anos, sendo o ano 2012/13 o que apresentou maiores valores, seguido pelos anos 2011/12 e 2010/11 com valores intermediários e, finalmente, pelo ano 2013/14 com a menor média de PG. O aumento da produtividade durante o avanço das gerações e sucessivos ciclos de seleção, sempre foi acompanhado pela ação do ambiente sobre os genótipos, conforme indicado pelos valores de PG das testemunhas, sendo o último ano (2013/14 – geração $F_{5:7}$) o mais afetado negativamente pelas condições ambientais.

4.2.2 Peso de cem sementes (PCS)

Para PCS foi encontrado um cenário diferente daquele antes relatado para PG (Tabela 20). A variância ambiental medida pela média das variâncias dentro de cada testemunha mostrou-se praticamente constante através dos anos (Tabela 20), enquanto que a variação fenotípica e, conseqüentemente, a variância genética, apresentou tendência de aumento ao longo das gerações (Figura 3). A variação dentro de cruzamentos oscilou de 11,61 a 19,46 $(g)^2$

(Tabela 20) e as herdabilidades oscilaram de 79 a 91% (Tabelas 7, 8, 10 e 13) mostraram tendência de aumento no decorrer do avanço de gerações, sendo consideradas altas quando comparadas às encontradas em outros estudos (BACKES ET AL., 2002; SILVA, 2008). Tais variações contribuem para a seleção de indivíduos conforme a necessidade do programa de melhoramento:

- a) nos programas envolvendo soja tipo grão ou “commodity” predominam genótipos com sementes de tamanho médio, com PCS variando de 10 a 20 g e média de 15g;
- b) para programas com soja tipo hortaliça ou “edamame” é desejável sementes de tamanho grande, com PCS = ou > 20 gramas; já para uso como broto e “natto” a soja deve ter sementes de tamanho pequeno, com PCS < 10g (YOKOMIZO; DUARTE; VELLO, 2000; VELLO; SILVA, 2006; CASAS-LEAL, 2015).
- c) Além disso, Panizzi et al., (1986), Godoi et al., (2002) e Pinheiro et al., 2005 relataram menor proporção de sementes danificadas por percevejos em genótipos com sementes pequenas.

4.2.3 Número de dias para a maturidade (NDM)

A variação ambiental para NDM foi muito baixa, o que pode ser constatado na Figura 4 e na Tabela 21 pelos reduzidos valores de variância média dentro de testemunhas.

A variação fenotípica dentro de cruzamentos foi praticamente constante entre os anos 2011/12 e 2012/13, porém aumentou muito de 2012/13 para 2013/14. A baixa variação entre 2011/12 e 2012/13 pode ser explicada pelo efeito da seleção de plantas individuais dentro das progêneses $F_{2:5}$ para formar linhagens $F_{5:6}$, resultando em menor variabilidade. Entretanto, o aumento de variabilidade entre 2012/13 e 2013/14 não seria esperado uma vez que a intensidade de seleção foi elevada entre esses anos, passando de 20 linhagens $F_{5:6}$ para cinco linhagens experimentais $F_{5:7}$. Uma possível explicação para este aumento de variabilidade em NDM pode ser o fato de a seleção ter sido efetuada para vários caracteres simultaneamente e correlações entre caracteres (Ex.: correlação positiva entre PG e NDM, levando a selecionar genótipos com alta produtividade porém com maior NDM ou o inverso, selecionando genótipos precoces e com menor PG. As correlações entre caracteres serão melhor discutidas posteriormente).

O número de cruzamentos que apresentaram variação dentro foi maior entre os anos de 2011/12 e 2012/13, porém se manteve quase constante entre os anos de 2012/13 e 2013/14

(Figura 4). As estimativas das herdabilidades foram crescentes, coerentes com as variâncias ambientais e fenotípicas estimadas em outros estudos (ALLIPRANDINI et al., 2009; AMORIM, 2011; BACKES ET AL., 2002; GOMES et al., 2004; MEDEIROS, 2009; ROSSMANN, 2001; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010), alcançando valores próximos a 100% no último ano (2013/14, geração F_{5:7}).

As médias de NDM dos cruzamentos e das testemunhas foram similares em todos os anos de avaliação, porém ocorreu nítida redução do ciclo a partir da seleção realizada entre os anos de 2011/12 (NDM médio de 141 dias) e 2012/13 (NDM médio de 129 dias) quando foi realizada a abertura de progênies que originou as linhagens F_{5:6} (Tabela 16). É importante ressaltar que os valores médios destacados até o momento correspondem à média de todos os cruzamentos, o que abre a possibilidade de seleção para precocidade entre e dentro de cruzamentos (progênies e ou linhagens mais precoces).

4.2.4 Altura da Planta na Maturidade (APM)

Nos resultados apresentados na Figura 5 e Tabela 22, observa-se para APM a mesma tendência discutida anteriormente para NDM, ou seja, baixa variação ambiental, alta variação fenotípica e genotípica e, conseqüentemente, alta herdabilidade do caráter, que apresentou magnitudes acima de 70%, semelhante aos resultados encontrados por outros autores (Tabela 6).

As médias apresentadas para APM apresentaram tendência de redução ao longo dos anos-gerações, porém tal redução afetou de maneira semelhante tanto os cruzamentos quanto as testemunhas, portanto, com indícios de ser de natureza ambiental. Outra possível explicação para o fato é a seleção realizada considerando diversos caracteres simultaneamente, entre eles altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agrônômico (VA), podendo ter contribuído para a obtenção de plantas com porte agronomicamente mais adequado.

4.2.5 Acamamento (AC)

A variância ambiental para AC mostrou-se baixa e constante, enquanto que as estimativas de variância fenotípica tiveram tendência de aumento, de maneira que os coeficientes de herdabilidade foram crescentes ao longo dos anos/gerações (Tabela 23). O número de cruzamentos que apresentaram baixa variação dentro para AC foi elevado quando comparado a outros caracteres, indicando que em alguns cruzamentos não houve variação entre as progênies e ou linhagens. A explicação mais provável baseia-se no fato dos genitores

(Tabela 1) já apresentarem níveis muito favoráveis de AC, uma vez que a grande maioria deles ou são linhagens experimentais ou são cultivares comerciais; a única exceção é a PI 520.733, que apesar de ser um genótipo exótico apresentou níveis ótimos para os caracteres agronômicos. Além disso, a redução do AC também recebeu a ação da seleção contra o acamamento, ou seja, no sentido de se eliminar indivíduos fora do padrão agrônomo (acamados) ao longo das gerações de endogamia, a qual certamente foi facilitada pela magnitude média a alta da herdabilidade do AC (ROSSMANN, 2001; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010).

As médias de AC dos cruzamentos apresentaram tendência de redução ao longo dos ciclos de avanço de gerações de endogamia chegando na geração $F_{5:7}$ a valores mais baixos (Tabela 17 e Figura 6), indicando o sucesso da seleção de genótipos superiores.

4.2.6 Valor Agrônomo (VA)

Os resultados mostrados nas Tabelas 17 e 24 e complementados na Figura 7 permitem observar que as variâncias dentro de cruzamentos para VA apresentaram tendência de alta no decorrer dos anos, sendo que o componente ambiental foi sempre de baixa magnitude comparado ao componente fenotípico, resultando em herdabilidades moderadas a altas, acima das normalmente encontradas por outros autores (GOMES et al., 2004; MEDEIROS, 2009; OLIVEIRA, 2011; SILVA, 2008; UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010).

Já em termos de média de VA, o comportamento dos genótipos foi de mostrar estimativas relativamente semelhantes de VA ao longo dos anos-gerações, variando em média de 1,89 a 2,00, ou seja, valores relativamente baixos. Os dados apresentados representam médias de cruzamentos e, de acordo com as estimativas de variabilidade genética, há possibilidade de seleção de genótipos com valores maiores de VA, principalmente entre linhagens dentro de cruzamentos.

4.2.7 Notas de severidade da ferrugem (NF1, NF2 e NF3)

Os resultados de notas de ferrugem das avaliações de 2012/13 e 2013/14 (gerações $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$, respectivamente) relacionados às variâncias e médias são apresentados nas Tabelas 18 e 25 (NF1), 26 (NF2) e 27 (NF3) e nas Figuras 8 (NF1), 9 (NF2) e 10 (NF3).

De forma geral, as três avaliações apresentaram tendência de aumento da variabilidade entre os anos 2012/13 e 2013/14, tanto pelo aumento da variação ambiental quanto da fenotípica. O número de cruzamentos que apresentaram variância dentro significativa foi

baixo, principalmente na geração F_{5:7}, indicando que a partir desta geração a seleção entre os cruzamentos pode ser mais efetiva do que a seleção dentro dos mesmos.

As médias de NF1, NF2 e NF3 foram baixas, ou seja, respectivamente 1,45, 1,42 e 1,62 para os dois anos em conjunto (Tabela 18). Embora a variação entre as três notas tenha sido de pequena magnitude, houve leve tendência da NF3 ser maior do que as duas notas anteriores. A mesma tendência foi anteriormente observada nas análises individuais dos dois anos. Em 2012/13 (Tabela 12) a infestação do fungo causador da ferrugem foi mais intensa do que em 2013/14 (Tabela 15), resultando em médias e estimativas de herdabilidade da severidade da doença maiores no primeiro ano. A maior infestação em 2012/13 do que em 2013/14, bem como a tendência da NF3 apresentar maior média, menor coeficiente de variação e maior herdabilidade do que as notas de severidade em estágios mais iniciais (NF1 e NF2) de infestação nos dois anos agrícolas, também foi observada por Casas-Leal (2015), Nazato (2015) e Wysmierski (2015).

A complexidade da reação de genótipos de soja à doença, torna necessária a combinação de métodos complementares na seleção de genótipos superiores em relação à reação à ferrugem asiática. Uma alternativa possível é a associação de métodos que possibilitem selecionar genótipos tolerantes (TRF próximas de zero) e métodos diretos que possibilitem a seleção de genótipos resistentes à ferrugem asiática, como por exemplo a avaliação da severidade da doença. Certamente, a associação das resistências vertical e horizontal em um mesmo genótipo pode promover uma maior proteção do mesmo, reduzindo as chances de maiores perdas devido à quebra da resistência vertical conferida por um gene específico (VELLO; CARVALHO, 2013).

4.3 Análise das capacidades médias de combinação (CMC) em diferentes gerações de endogamia

A escolha de genitores é uma das principais fases e possui influência direta no sucesso de um programa de melhoramento. Entre os métodos disponíveis para auxiliar na escolha de genitores, uma das metodologias mais empregadas no mundo são as análises dialélicas (RAMALHO et al., 2012; VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Outras metodologias têm sido empregadas na tentativa de se identificar genitores com maior probabilidade de complementação de locos favoráveis, como a utilização de marcadores moleculares como forma de auxiliar no planejamento de cruzamentos (COLOMBARI; GERALDI; BARONA, 2010 ; PRIOLLI et al., 2013).

A seguir serão discutidas as capacidades médias de combinação estimadas em cada geração de avanço da endogamia, realizadas comparações entre as gerações e dentro das gerações para os caracteres estudados. Estas discussões foram ampliadas com a inclusão das estimativas de PG (g.planta^{-1}), PCS e VA na geração F_2 e de PG (kg.ha^{-1}), NDM, APM, AC e VA na geração $F_{2:3}$ a partir de dados obtidos por Oliveira (2011) e, posteriormente, discutidos por Oliveira et al. (2014), aos resultados obtidos nos anos agrícolas de 2010/11 a 2013/14.

4.3.1 Produtividade de Grãos (PG)

A partir das estimativas apresentadas na Tabela 28, foi possível comparar o comportamento da PG dos genótipos do dialelo parcial 7x7 utilizado no presente trabalho, em todas as seis gerações e anos agrícolas incluídos nesta pesquisa. Os dialelos parciais envolvem a avaliação de genitores dispostos em dois grupos, sendo as inferências feitas para cada grupo (CRUZ; REGAZZI, 1994).

De acordo com a Tabela 28, observa-se que no Grupo I, o genitor PI 520.733 foi o que mais contribuiu para a obtenção de cruzamentos com menor média de PG em F_2 , sendo que a presença desse genitor no cruzamento implica em uma redução média de 48 g.planta^{-1} ; tal fato pode ser esperado quando genótipos exóticos forem utilizados como genitores (VELLO; FEHR; BAHRENFUS, 1984). Contrariamente, o genitor que mais contribuiu para o aumento dos valores de PG no Grupo I foi o genitor USP 14-01-20, com um aumento médio de 20 g.planta^{-1} por cruzamento em F_2 . No Grupo II, o genitor com menor contribuição por genitor (CpG) em F_2 foi o genitor USP 70.057, enquanto que o que apresentou maior contribuição foi o genitor USP 70.080.

Através das médias apresentadas de cada cruzamento em F_2 (Tabela 28), observa-se que dentre os dez cruzamentos com maiores valores de PG, quatro envolveram o genitor USP 14-01-20 (Grupo I) e quatro envolveram o genitor USP 70.080 (Grupo II); além disso, o cruzamento entre eles foi o que apresentou o maior valor para PG ($162 \text{ g.planta}^{-1}$), ou seja, o cruzamento 12 (USP 14-01-20 x USP 70.080). Nesse caso, tanto o genitor USP 14-01-20 quanto o genitor USP 70.080 mostraram possuir alta proporção de alelos favoráveis para o aumento da PG e também apresentaram boa complementação entre si.

Entre os dez cruzamentos com piores resultados, estão presentes todos os sete cruzamentos que envolveram o genitor PI 520.733 e quatro que envolveram o genitor USP 70.057, sendo que o menor valor de PG em F_2 foi encontrado justamente no cruzamento entre eles, ou seja, o cruzamento 30 (PI 520.733 x USP 70.057).

Na geração $F_{2,3}$, Tabela 28, o genitor PI 520.733 permaneceu como aquele que apresentou a menor capacidade média de combinação e, portanto, menor contribuição para o aumento da produtividade de grãos.

Ainda de acordo com a Tabela 28, em $F_{2,4}$, o genitor PI 520.733 continuou apresentando a maior contribuição no sentido de diminuir a magnitude da PG no Grupo I, com redução média de 660 kg.ha^{-1} nos cruzamentos em que esteve presente. A contribuição para redução da PG pelo genitor PI 520.733 (classificação 7 no Grupo I) foi aproximadamente oito vezes maior do que a do genitor USP 17-01-20 (classificação 6 no Grupo I), evidenciando que a introdução de genitores exóticos (não adaptados) pode trazer benefícios ao programa de melhoramento ao adicionar novos alelos como por exemplo para resistência a doenças, porém pode acarretar em redução de caracteres importantes como a produtividade de grãos. No Grupo II, os genitores USP 70.057 e UPS 70.006 foram os que mais contribuíram negativamente para PG (-277 e -115 kg.ha^{-1} respectivamente). Dentre os dez cruzamentos que apresentaram as menores médias de PG, cinco envolvem o genitor PI 520.733 e quatro o genitor USP 70.057 (Tabela 28). A menor média encontrada em $F_{2,4}$ foi 1345 kg.ha^{-1} , para o cruzamento PI 520.733 x USP 70.006.

Como genitores que contribuíram positivamente para o aumento da PG, destacaram-se M-Soy 8001 no Grupo I ($+415 \text{ kg.ha}^{-1}$) e USP 80.123 no Grupo II ($+160 \text{ kg.ha}^{-1}$). As três combinações que apresentaram os melhores resultados de PG foram M-Soy 8001 x USP 70.109 (3150 kg.ha^{-1}), M-Soy 8001 x USP 70.080 (3133 kg.ha^{-1}) e M-Soy 8001 x USP 70.004 (3063 kg.ha^{-1}), todas elas envolvendo o genitor M-Soy 8001.

Na geração $F_{2,5}$, Tabela 28, o genitor PI 520.733 continuou se destacando por apresentar piores CpG para PG (-761 kg.ha^{-1}) no Grupo I, enquanto que os genitores USP 70.057, USP 70.004 e USP 70.109 apresentaram os valores de CpG mais baixos no Grupo II (-95 , -166 e -143 kg.ha^{-1} , respectivamente). A pior combinação encontrada correspondeu ao cruzamento PI 520.733 x USP 70.109, com média de 2149 kg.ha^{-1} . Destacaram-se como genitores que apresentaram bons valores de CpG para PG os genótipos M-Soy 8001 ($+343 \text{ kg.ha}^{-1}$) e USP 14-10-38 ($+286 \text{ kg.ha}^{-1}$) no Grupo I e os genitores A7002 ($+214 \text{ kg.ha}^{-1}$) e USP 70.123 ($+87 \text{ kg.ha}^{-1}$) no Grupo II. A melhor combinação encontrada para PG em $F_{2,5}$ foi a do cruzamento USP 14-10-38 x A7002, com média de 4174 kg.ha^{-1} , 26% superior à média de todos os cruzamentos em $F_{2,5}$.

Em $F_{5,6}$, Tabela 28, os genitores do Grupo I que mais contribuíram para a redução da PG foram USP 14-10-38 (-298 kg.ha^{-1}), USP 14-07-05 (-179 kg.ha^{-1}) e PI 520.733 (-132 kg.ha^{-1}). Pela primeira vez no estudo, o genitor PI 520.733 não apareceu com a pior classificação de

CpG no Grupo I; todavia, dentre os dez cruzamentos com menor média, apenas um envolveu esse genitor. Esse fato pode ser atribuído à seleção de plantas individuais em $F_{2:5}$ para compor a geração $F_{5:6}$, explorando a variabilidade presente dentro dos cruzamentos 29, 30, 31, 33, 34 e 35 (Tabela 19) e possibilitando um aumento na média de PG. No Grupo II, as menores CpG para PG foram de USP 70.109 (-147 kg.ha^{-1}) e A7002 (-85 kg.ha^{-1}). A pior combinação encontrada foi entre os genitores USP 14-10-38 e A7002 (2859 kg.ha^{-1}).

Ainda pela Tabela 28, entre os genitores que mais contribuíram positivamente para a obtenção de altos valores de PG destacaram-se M-Soy 8001 ($+374 \text{ kg.ha}^{-1}$) e USP 14-01-20 ($+138 \text{ kg.ha}^{-1}$) no Grupo I, enquanto que no Grupo II os destaques principais foram USP 70.080 ($+182 \text{ kg.ha}^{-1}$) e USP 70.004 (105 kg.ha^{-1}). A combinação que apresentou a maior média de PG correspondeu ao cruzamento M-Soy 8001 x USP 70.123, alcançando 4293 kg.ha^{-1} .

O genitor M-Soy 8001 apresentou novamente a melhor classificação no Grupo I, destacando-se em todas as gerações por apresentar altas estimativas de CpG, com estimativa de $+381 \text{ kg.ha}^{-1}$ na geração $F_{5:7}$. Já no Grupo II, destacou-se o genitor USP 70.006 com CpG = $+262 \text{ kg.ha}^{-1}$. A melhor combinação encontrada em $F_{5:7}$ foi o cruzamento M-Soy 8001 x USP 70.080, com média de 3535 kg.ha^{-1} .

Com as menores estimativas de CpG, destacaram-se os genitores PI 520.733 no Grupo I (-290 kg.ha^{-1}) e A7002 no Grupo II (-123 kg.ha^{-1}). A pior média de PG foi encontrada no cruzamento USP 14-10-38 x USP 70.080, estimada em 2153 kg.ha^{-1} .

4.3.2 Peso de cem sementes (PCS)

De acordo com a Tabela 29, no Grupo I, os genitores USP 14-10-38 e PI 520.733 apresentaram-se de forma constante como os genitores que mais contribuíram para aumentar o tamanho das sementes, representado pelo PCS. O genitor PI 520.733 apresentou as maiores contribuições (CpG) em $F_{2:4}$ ($+2,57 \text{ g}$), $F_{2:5}$ ($+2,79 \text{ g}$), $F_{5:6}$ ($+3,03 \text{ g}$) e $F_{5:7}$ ($+1,01 \text{ g}$), provavelmente em consequência da alta média de PCS deste genitor (Tabela 39). No Grupo II, destacaram-se os genitores USP 70.006 e USP 70.109, com contribuições (CpG) na geração $F_{5:7}$ de aumentar o PCS em $+0,56 \text{ g}$ e $+0,24 \text{ g}$, respectivamente.

As combinações que apresentaram os maiores valores de PCS em cada geração foram os cruzamentos PI 520.733 x USP 70.006 ($18,46 \text{ g}$ em $F_{2:4}$) e PI 520.733 x USP 70.123 ($17,86 \text{ g}$ em $F_{2:5}$, $21,02 \text{ g}$ em $F_{5:6}$, e $17,39 \text{ g}$ em $F_{5:7}$). Nota-se a presença do genitor PI 520.733 (Grupo I) em todas as combinações que apresentaram as maiores médias de PCS em todas as

gerações, evidenciando o valor desse genótipo como potencial genitor em programas de soja tipo hortaliça (CASAS-LEAL, 2015; VELLO et al. 2004); este genitor tem também a vantagem de possuir bom nível de tolerância à podridão vermelha das raízes (PVR) causada pelo fungo de solo *Fusarium* spp. (OLIVEIRA, 2011). Na sequência imediata, destacaram-se os genitores USP 70.123 e USP 70.006, como os mais frequentes no Grupo II em originar cruzamentos com maior PCS.

4.3.3 Número de dias para a maturidade (NDM)

De acordo com a Tabela 30, os genitores que mais contribuíram para a obtenção de genótipos de ciclo reduzido em F_2 foram o genitor PI 520.733 no Grupo I (média de CMC para NDM = 120 dias) e os genitores USP 70.057 e USP 70.004 no Grupo II (média de CMC para NDM = 133 dias para ambos). Os dois cruzamentos envolvendo estes três genitores apresentaram média de 119 dias, repetindo os resultados relatados por Oliveira et al. (2014). Em F_2 , os cruzamentos mais precoces (NDM = 118 a 123 dias) tiveram a PI 520.733 como um dos genitores.

Na geração $F_{2,3}$, destacou-se o genitor PI 520.733 que contribuiu para a diminuição do NDM em média com CpG = -13,7 dias. Em consequência, os cruzamentos envolvendo esse genitor foram os mais precoces, apresentando NDM variando entre 107 e 117 dias e média inferior a 114 dias.

Em $F_{2,5}$, o genitor PI 520.733 continuou apresentando a maior contribuição para redução do NDM, com CpG = -9,67 dias no Grupo I, enquanto que no Grupo II o genitor USP 70.004 apresentou CpG de -2,32 dias. Novamente, os cruzamentos mais precoces envolveram o genitor PI 520.733, com NDM variando de 124 a 137 dias; o maior destaque em precocidade foi o cruzamento PI 520.733 x UPS 70.109, com NDM = 124 dias.

A seleção para precocidade iniciou-se na geração $F_{2,5}$ e o resultado obtido foi evidenciado pela redução das médias dos cruzamentos, do NDM de 141 dias na geração $F_{2,5}$ para 129 dias na geração $F_{5,6}$ (Tabela 16, Figura 4), ou seja, um ganho muito favorável equivalente à redução média de 12 dias no ciclo. A redução de ciclo mais expressiva foi apresentada pelo cruzamento USP 14-13-16 x USP 70.123, reduzindo o NDM em aproximadamente 19 dias, de 142 dias em $F_{2,5}$ para 123 dias em $F_{5,6}$ (Tabela 30). Essa redução foi possível pela presença de variabilidade dentro dos cruzamentos para o caráter NDM, no caso específico, dentro do cruzamento 28 em $F_{2,5}$ (Tabela 21).

Finalmente em $F_{5:7}$ (Tabela 30), repetiu-se a tendência dos cruzamentos que envolveram o genitor PI 520.733 (Grupo I) apresentarem baixos valores de NDM (119 a 130 dias), com média de CpG = -7,6 dias; no Grupo II, o genitor USP 70.004 destacou-se com CpG = -4,22 dias; estes dois genitores foram responsáveis também pelo cruzamento mais precoce, NDM = 119 dias.

4.3.4 Altura da planta na maturidade (APM)

Nas gerações iniciais, observou-se uma distribuição mais ampla das médias de APM entre os cruzamentos, incluindo-se até cruzamentos com média inferior a 60 cm em $F_{2:3}$ (Tabela 31). Segundo Vello¹, o referencial para uma planta de soja com potencial comercial e econômico, em termos de permitir a colheita mecanizada, é equivalente a $APM \geq 60$ cm, associada à uma altura de inserção da primeira vagem = ou > 12 cm (informação pessoal). Em $F_{2:3}$, a amplitude de variação foi de 60 cm (48 cm para o cruzamento mais baixo e 108 cm para o cruzamento mais alto). Com o avanço das gerações de endogamia e seleção, a média de APM apresentou pequena redução (99,62 cm em $F_{2:5}$, 94,65 cm em $F_{5:6}$ e 89,04 cm em $F_{5:7}$). Já a amplitude de variação da APM foi de 42 cm (79 a 121 cm) em $F_{2:5}$, 71 cm (49 a 120cm) em $F_{5:6}$ e 52 cm (68 a 120 cm) em $F_{5:7}$.

Também na Tabela 31, todos os cruzamentos apresentaram médias de APM na geração $F_{5:7}$ dentro de um padrão agrônomo desejado, resultado da seleção praticada ao longo do avanço de gerações priorizando genótipos mais próximos possíveis do ideótipo de soja comercial. Vale ressaltar que dentro de cada cruzamento há variações entre as linhagens experimentais $F_{5:7}$ e que os valores apresentados na Tabela 31 são referentes à média do cruzamento, portanto, é possível a obtenção de genótipos com maior ou menor APM com a prática de seleção dentro de cada cruzamento.

Ainda na Tabela 31, considerando as médias de CpG nas diferentes gerações, os genitores que mais frequentemente contribuíram para o aumento da APM foram IAC 100 no Grupo I e A7002 no Grupo II. Com a prática de seleção, na última geração, as linhagens $F_{5:7}$ alcançaram APM adequada em todos os 49 cruzamentos, com valores variando de 70 cm (USP 14-01-20 x USP 70.006) a 120,38 cm (USP 14-07-05 x USP 70.109).

¹ VELLO, N.A. Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Dept. Genética.

4.3.5 Acamamento (AC)

Na Tabela 32, considerando que o padrão agrônômico desejado é aquele com menor nota de acamamento possível ($AC = 1$) e sendo aceitável até $AC = 2,5$ (pequena inclinação da planta em relação ao eixo vertical), os genitores que mais contribuíram para a obtenção de genótipos eretos ao longo das gerações foram os genitores PI 520.733 no Grupo I e USP 70.057 no Grupo II. O genitor USP 70.123 apresentou CpG sempre positiva, contribuindo para a obtenção de genótipos com maior acamamento, apresentando $CpG = +0,40$ em $F_{2;3}$, $+0,95$ em $F_{2;4}$, $+0,16$ em $F_{5;6}$ e $+0,40$ em $F_{5;7}$.

Da mesma forma como ocorrido para APM, a prática de seleção também foi eficiente para melhorar o AC, de maneira que na última geração, as plantas $F_{5;7}$ de todos os cruzamentos alcançaram menores médias de AC, variando de 1,29 a 1,86 (Tabela 32), ou seja, a maior parte dos cruzamentos apresentaram notas de AC dentro do padrão agrônômico desejável. Em todas as gerações avaliadas, os genitores contribuíram pouco (sempre menos que 0,5 na nota) para reduzir ou aumentar o AC. Adicionalmente a esse fato, a Tabela 23 e a Figura 6 demonstraram haver baixa variabilidade para o AC entre os genótipos estudados. Certamente, isto aconteceu em razão dos genitores já terem níveis ótimos de AC, uma vez que como cultivares ou linhagens experimentais passaram por seleção intensa contra o acamamento, com exceção da PI 520.733 (Tabela 39).

4.3.6 Valor agrônômico (VA)

A Tabela 33 apresenta o valor agrônômico, o qual é um índice que resume os principais atributos desejáveis em uma planta de soja. Na primeira geração (F_2), os cruzamentos apresentaram valores muito baixos de VA, com média de 1,97 e variação de 1,19 a 2,59; os valores máximos de CMC foram apresentados pelo genitor M-Soy 8001 ($CMC = 2,13$ e $CpG = 0,16$) no Grupo I e pelo genitor A7002 ($CMC = 2,30$ e $CpG = 0,34$) no Grupo II. A seleção aplicada nas diferentes gerações de endogamia alterou positivamente o desempenho médio de todos os cruzamentos, de maneira que na última geração ($F_{5;7}$), as médias observadas foram bem mais altas, variando de 2,74 a 4,06 (média de $VA = 3,20$); os valores máximos de CMC também foram melhorados, tendo sido apresentados novamente pelo genitor M-Soy 8001 ($CMC = 3,64$ e $CpG = 0,44$) no Grupo I e pelo genitor USP 70.109 ($CMC = 3,38$ e $CpG = 0,19$) no Grupo II.

Ainda de acordo com a Tabela 33, em todas as gerações de endogamia, o genitor PI 520.733 foi o que mais contribuiu para a obtenção de baixos valores de VA no Grupo I; já no

Grupo II, o pior desempenho foi apresentado pelo genitor USP 70.057 na maioria das gerações, exceto em $F_{2.5}$ quando o pior desempenho ficou com o genitor USP 70.123 seguido pelo próprio genitor USP 70.057. É importante destacar que o genitor PI 520.733 é um genótipo exótico (não adaptado) e que comumente genitores exóticos são incorporados aos programas de melhoramento com a finalidade de aumentar a variabilidade genética para um ou mais caracteres alvos, bem como para ampliar a base genética da espécie cultivada (VELLO; FEHR; BAHRENFUS, 1984; WYSMIERSKI; VELLO, 2013). O genitor PI 520.733 foi incorporado neste dialelo em razão de ser descrito no Banco de Germoplasma norte-americano como moderadamente resistente a PVR (OLIVEIRA, 2011).

4.3.7 Notas de severidade da ferrugem asiática (NF1, NF2 e NF3)

De acordo com a Tabela 34, a primeira nota (NF1) de severidade da ferrugem na geração $F_{5.6}$ foi relativamente baixa, com média de 1,81 e variação de 1,33 a 2,25; no grupo I, o maior destaque em contribuir com resistência à ferrugem para seus cruzamentos foi USP 14-10-38, com CMC = 1,59 e CpG = -0,22; no grupo 2, o genitor que mostrou maior contribuição com resistência foi USP70.080 com CMC = 1,62 e CpG = -0,19. Já na geração $F_{5.7}$, as NF1 foram ainda mais baixas, com média de 0,88 e variação entre 0,60 e 1,20; no grupo I, o genitor que gerou cruzamentos mais resistentes foi M-Soy 8001, com CMC = 0,83 e CpG = -0,05; no grupo II, o maior destaque em contribuir com resistência foi USP 70.006, com CMC = 0,75 e CpG = -0,13. Reunindo as informações das duas gerações, as menores notas de severidade (maior classificação relativa), ou seja, as menores estimativas de CMC e de CpG indicaram maior capacidade de gerar resistência à ferrugem e foram apresentadas pelos genitores USP 14-10-38, M-Soy 8001 e USP 14-01-20 no grupo I e pelos genitores USP 70.006, USP 70.080 e A7002 no grupo II.

Na Tabela 35 são apresentadas as médias para a segunda nota de ferrugem (NF2), as quais em média foram 2,42 em $F_{5.6}$ e 1,33 em $F_{5.7}$, seguindo a tendência de aumento em relação a NF1 e com menor valor em $F_{5.7}$. Os genitores USP 14-10-38 (CpG = -0,42) e M-Soy 8001 (CpG = -0,35) permaneceram como os que mais contribuíram para a resistência (menor nota de severidade) no Grupo I, apresentando CpG no sentido de redução da NF2 em $F_{5.6}$. Em $F_{5.7}$, o genitor USP 14-10-38 (CpG = -0,12) destacou-se no Grupo I, enquanto que USP 70.080 e USP 70.057 (CpG = -0,06) destacaram-se no Grupo II como os genitores que mais contribuíram com resistência à ferrugem para os cruzamentos. A melhor combinação em $F_{5.7}$ foi apresentada pelo cruzamento USP 14-10-38 x USP 70.057 (NF2 = 1,07).

De acordo com a Tabela 36, observa-se na terceira avaliação de ferrugem (NF3) em $F_{5:6}$ que os genitores que mais contribuíram para a resistência de sua descendência foram M-Soy 8001 (CpG = -0,42) e USP 14-10-38 (CpG = -0,40) no Grupo I e USP 70.080 (CpG = -0,28) e A7002 (CpG = -0,22) no Grupo II. As melhores combinações encontradas nessa geração foram apresentadas pelos cruzamentos USP 14-01-20 x USP 70.080 e M-Soy 8001 x A7002, com NF3 = 1,95. Na última geração ($F_{5:7}$), os genitores que apresentaram os melhores resultados (menores NF3) no Grupo I foram M-Soy 8001 (CpG = -0,17) e IAC 100 (CpG = -0,11), seguidos pelo genitor USP 14-10-38 (CpG = -0,10), enquanto que no Grupo II as maiores resistências (menores notas) ficaram para os genitores USP 70.080 (CpG = -0,28) e A7002 (CpG = -0,17). Em $F_{5:7}$, as combinações com maior resistência à ferrugem foram apresentadas pelos cruzamentos IAC 100 x USP 70.080 (NF3 = 1,24), USP 14-10-38 x USP 70.006 (NF3 = 1,25) e USP 14-10-38 x USP 70.080 (NF3 = 1,26).

Analisando as três notas de ferrugem na geração $F_{5:7}$ (Tabelas 34 a 36), percebe-se uma tendência de aumento linear das médias de notas de severidade no decorrer do tempo de infecção (NF1 < NF2 < NF3), partindo de 0,88 na NF1, aumentando para 1,35 na NF2 e finalmente 1,74 na NF3. Como demonstrado anteriormente nesse trabalho e também por Wysmierski (2015), a NF3 é a avaliação que demonstrou maior capacidade de discriminação de genótipos resistentes à ferrugem asiática (Tabelas 12, 15, 18 e Figuras 8, 9 e 10). A diferença entre as estimativas dos parâmetros entre as gerações $F_{5:6}$ (maiores valores) e $F_{5:7}$ (menores valores) tem duas possíveis explicações principais: a prática de seleção em $F_{5:6}$ para maior resistência à ferrugem (menor NF) e a estiagem em 2013/14 que deve ter dificultado a multiplicação do fungo da ferrugem. Ainda de acordo com Wysmierski (2015), quando a variação na nota de severidade da ferrugem for acompanhada pela ocorrência de sintomas ou lesões do tipo TAN nas folhas, ela indicaria resistência horizontal (poligenes) a diferentes raças do fungo; mas, quando acompanhada de lesões do tipo RB, ela evidenciaria resistência vertical (oligogenes).

4.4 Correlações das CMC entre gerações

Na Tabela 37 são apresentados os resultados de correlações de Pearson e de Spearman para valores de CMC dos genitores componentes do dialelo, entre as gerações de endogamia. Em geral, as duas medidas de correlação foram concordantes, com um número muito pequeno de resultados diferentes. Ficou evidenciado que o efeito das capacidades de combinação é

complexo, podendo se alterar durante o avanço de gerações, principalmente quando for acompanhado pela prática de seleção.

Para PG (Tabela 37), a estimativa da correlação de Pearson entre gerações foi relativamente alta, oscilando de $+0,72^{**}$ a $+0,88^{**}$ da geração F_2 até a geração $F_{2:5}$, geração na qual foi realizada seleção e abertura de linhagens. A partir da geração $F_{5:6}$ não foram observadas correlações significativas com a geração F_2 , evidenciando a dificuldade da predição de cruzamentos superiores em gerações iniciais com a finalidade de se obter linhagens puras em gerações avançadas. No decorrer do avanço das gerações de endogamia foram realizados sucessivos ciclos de seleção entre as progênies e também dentro de progênies $F_{2:5}$, que aliado a fatores como baixa herdabilidade da PG, interações genótipos x ambientes e o próprio efeito do aumento da endogamia podem ter ocasionado a falta de correlação entre as CMC das gerações, a partir de $F_{5:6}$. Do ponto de vista prático, muitas vezes há fatores limitantes em um programa de melhoramento, os quais tornam impossível conduzir todos os cruzamentos até que se possa selecionar linhagens puras em gerações avançadas. Desta forma, mesmo para caracteres de baixa herdabilidade como a PG, a utilização de estudos de capacidade combinatória tem papel importante na orientação da escolha de genitores com maiores probabilidades de apresentar alta proporção de alelos favoráveis e que apresentem melhor complementação com outros genitores.

Apesar de não contar com dados na geração F_2 , observa-se na Tabela 37 que as correlações entre as gerações foram maiores ($+0,79^{**}$ a $+0,95^{**}$) para PCS quando comparadas às de PG. O PCS é um caráter de fácil mensuração e geralmente apresenta herdabilidades moderadas a altas (Tabela 6), fato este que pode ter acarretado em estimativas significativas das correlações entre gerações.

Outro ponto em destaque nas análises de PCS é a tendência de redução nas magnitudes da correlação com o avanço das gerações. A correlação é maior entre $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ (0,93), porém caiu gradativamente entre $F_{2:4}$ e $F_{5:6}$ ($+0,91^{**}$) e ainda mais entre $F_{2:4}$ e $F_{5:7}$ ($+0,79^{**}$). Apesar de ocorrerem algumas exceções, os demais caracteres avaliados demonstraram seguir tendência semelhante, indicando que quanto maior a distância entre as gerações, menor a probabilidade de se encontrar correlações entre as CMC.

Ainda na Tabela 37, são observadas correlações positivas e relativamente altas ($+0,66^{**}$ a $+0,96^{**}$), entre a maioria das gerações para NDM. A princípio, a alta correlação das CMC entre diferentes gerações indica ser possível iniciar a seleção de genótipos quanto ao ciclo desejado em gerações iniciais. Todavia, é recomendável esperar pelo menos até a geração F_3 para iniciar a seleção para precocidade, pois assim, torna-se possível eliminar as plantas mais

tardias que devem surgir a partir de F_3 , em razão das segregações envolvendo os genes que controlam o ciclo (genótipos recessivos como p.ex. e_6e_6 para ciclo tardio; BONATO; VELLO, 1999a) e os poucos genes recessivos responsáveis pelo fenótipo período juvenil longo (KIIHL; GARCIA, 1989). O aparecimento de plantas tardias em gerações mais avançadas também pode ocorrer devido à resposta correlacionada à seleção, em consequência da correlação positiva entre ciclo e PG ($r = 0,58^{**}$ obtida por PINHEIRO, 1998; $r = 0,04^{ns}$ segundo CASA-LEAL, 2015; $r = 0,49^{**}$ estimada neste trabalho) e da prática frequente de seleção para maior PG. Esta tendência de aparecimento de plantas mais tardias com o avanço das gerações de endogamia depende das condições ambientais (fotoperíodo principalmente), dos genes que controlam o ciclo e, também, do tipo de população em estudo. Por exemplo, na geração F_2 de 45 cruzamentos entre genitores precoces (dialelo completo 10×10), Freire e Vello (1989) observaram a tendência da heterose do NDM ser negativa (média = -5,1%; mínimo = -18,7%; máximo = 3,4%), fato este que também pode favorecer o aparecimento de plantas mais tardias nas gerações mais avançadas.

O caráter NDM normalmente apresenta estimativas altas de herdabilidade (BONATO; VELLO 1999b e Tabela 06); realmente, as estimativas obtidas no presente trabalho foram sempre superiores a $0,85^{**}$ (Tabela 8, 10 e 13, Figura 4), o que reforça a hipótese de que caracteres com maiores herdabilidades possuem maior tendência de apresentar correlações significativas para as CMC entre diferentes gerações de endogamia. O mesmo ocorreu para APM e AC, que apresentaram correlações significativas das CMC entre todas as gerações estudadas, juntamente com elevados valores de herdabilidade.

Para VA, as correlações das CMC entre a maior parte das gerações foram não-significativas (Tabela 37), com exceção de três correlações significativas entre F_2 e $F_{2:5}$ ($+0,58^*$), entre F_2 e $F_{5:6}$ ($+0,59^*$) e entre $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$ ($+0,75^*$). Essa maior tendência de correlações não-significativas entre gerações pode ser relacionada à complexidade do caráter VA que, apesar de apresentar herdabilidades de moderadas a altas, é resultante de uma série de outros caracteres considerados simultaneamente na avaliação por meio de notas visuais.

Ainda na Tabela 37, a correlação de Pearson das CMC entre $F_{5:6}$ e $F_{5:7}$ mostrou tendência de aumento com o avanço da infestação da ferrugem, ou seja, entre as três notas de severidade de ferrugem: $0,37^{ns}$ para NF1; $0,61^*$ para NF2 e $0,80^*$ para NF3. A mesma tendência ocorreu para a correlação de Spearman. Certamente, este fato é mais uma evidência favorável para se dar preferência para se avaliar a severidade em uma fase mais avançada da infestação de ferrugem. Além disso, conforme comentado anteriormente para APM e AC,

percebe-se haver uma tendência de caracteres com maiores herdabilidades apresentarem maiores magnitudes de correlações entre as CMC em diferentes gerações.

4.5 Correlações entre caracteres

Os resultados obtidos (Tabela 38) demonstram que a maioria dos caracteres avaliados apresentaram correlações de Pearson significativas com a produtividade de grãos (PG), com exceção da TRF-PG e TRF-PCS. A correlação negativa entre PG e PCS ($-0,38^{**}$) indicou que os genótipos com menor PCS (menor tamanho das sementes) tenderam a apresentar maiores PG. As correlações positivas estimadas entre PG e os caracteres APM ($+0,30^{*}$), VA ($+0,40^{**}$) e NDM ($+0,49^{**}$) poderiam ser explicadas pela tendência de genótipos mais altos, com padrão agrônomo desejável e que tenham um ciclo maior de desenvolvimento serem mais produtivos. Lopes et al. (2002) encontraram correlações semelhantes entre PG e NDM ($+0,63^{**}$), PG e APM ($+0,80^{**}$) e PG e VA ($+0,91^{**}$).

As correlações entre PG e as notas de ferrugem (NF1, NF2, NF3) foram todas negativas e com magnitude média a baixa, mas significativas ($-0,45^{**}$; $-0,28^{*}$; $-0,37^{**}$, respectivamente). Uma provável explicação para isto é dada pelo fato de que quanto maior a nota de ferrugem asiática, maior a área foliar danificada, menor a taxa de fotossíntese, maior a desfolha e, conseqüentemente, menor a produtividade de grãos.

A correlação alta e positiva entre APM e AC ($+0,66^{**}$) indicou que os genótipos com maior altura têm maior tendência a acamar.

As correlações envolvendo NDM são de grande importância para programas de melhoramento que visem à obtenção de genótipos precoces. Ainda na Tabela 38, observa-se que as correlações do NDM foram baixas e não-significativas somente com AC e TRF; todavia, as correlações do NDM com os demais caracteres foram todas de magnitude intermediária e significativas a 1% de probabilidade, tendo sido positivas para PG ($r = 0,49^{**}$), APM ($0,52^{**}$) e VA ($0,64^{**}$), mas negativas para PCS ($r = -0,57^{**}$), NF1 ($-0,41^{**}$), NF2 ($-0,62^{**}$) e NF3 ($-0,71^{**}$).

A tendência de genótipos precoces (com baixo NDM) exibirem menores valores de PG, APM e VA poderia ser explicada pelo menor tempo de desenvolvimento dos genótipos precoces em relação aos mais tardios, fato este que poderia contribuir para diminuir o acúmulo de nutrientes e, conseqüentemente, afetar negativamente a altura da planta (APM), a granação (enchimento de grãos) e o valor agrônomo (VA). Com isto, ficaria relativamente difícil obter por seleção genótipos precoces e com valores altos de PG, APM e VA. Mas, como as

correlações entre NDM e os outros três caracteres foram apenas intermediárias, ou seja, relativamente bem distantes do valor máximo ($r = 1$), esta dificuldade aparentemente seria contornada, por exemplo com o uso de índices restritos de seleção, selecionando-se para precocidade e, ao mesmo tempo, garantindo a manutenção de níveis satisfatórios de PG, APM e VA. Portanto, apesar de difícil, pode-se considerar possível a obtenção de genótipos de soja mais precoces e com bom desempenho agrônômico para atender à crescente demanda por eles, principalmente em regiões que permitem a realização da segunda safra (“safrinha de outono/inverno”) em rotação com a cultura do milho e em reformas de canaviais.

A correlação negativa e de magnitude intermediária ($-0,48^{**}$) entre NDM e tamanho das sementes (PCS) indicou que os genótipos precoces tenderam a desenvolver sementes de maior tamanho; isto pode estar associado aos efeitos dos genes do genitor PI 520.733 para precocidade e maior tamanho das sementes; realmente, este genitor destacou-se com as menores médias de NDM e maiores médias de PCS, bem como com os menores valores de CMC para NDM e com os maiores valores de CMC para PCS em todas as gerações (Tabelas 29 e 30).

As correlações antes relatadas entre NDM e as três notas de ferrugem, com valores intermediários, significativos, negativos e crescentes de NF1 para NF3 foram interessantes porque evidenciaram que os genótipos precoces mostraram mais sintomas de ferrugem nas folhas. Esta evidência é contrária ao que se poderia esperar, no sentido da ocorrência da ferrugem asiática danificar as folhas e reduzir a área foliar da planta, causando senescência precoce das folhas e consequente redução no ciclo, a princípio, independentemente do NDM. Dessa forma, a utilização da estratégia de controle da ferrugem por meio do cultivo de genótipos precoces, com a finalidade de diminuir o tempo de exposição dos mesmos às intervenções ambientais, torna-se praticamente inviável.

Um outro ponto importante a ser considerado é que as avaliações realizadas para a estimativa da severidade da doença são baseadas em escala visual de notas. Observando-se que as correlações entre NDM e as três notas de ferrugem aumentaram com o tempo de tomada das notas visuais (de NF1 para NF3), os sintomas de senescência natural das plantas precoces poderiam ser confundidos com os sintomas da ferrugem; além disso, outra hipótese que pode ser considerada é a possibilidade de as plantas em processo de senescência serem mais suscetíveis ao fungo da ferrugem. Estas são apenas especulações que necessitam de mais pesquisas para maior compreensão dos mecanismos que poderiam estar envolvidos no comportamento inverso entre NDM e as notas de severidade da ferrugem.

A Tabela 38 também indica que as correlações entre as notas de severidade da ferrugem foram sempre altamente significativas (1%), com magnitude variável de intermediárias ($NF1 \times NF2 = +0,59^{**}$ e $NF1 \times NF3 = +0,62^{**}$) a elevada ($NF2 \times NF3 = +0,90^{**}$). Essa correlação pode ser explicada pelo fato das três avaliações de NF terem sido realizadas em um único experimento e nos mesmos genótipos, porém tomadas em diferentes épocas. Considerando que a ação da ferrugem asiática possui a tendência cumulativa com o progresso do tempo, é compreensível que genótipos com maiores NF1 também apresentem maiores NF2 e consequentemente maiores NF3. Estas correlações positivas, com magnitude intermediária a elevada e altamente significativas também indicaram que a NF1 representou relativamente bem a NF2 e a NF3 e, principalmente, que a NF2 foi uma ótima representante da NF3, reforçando a ideia já discutida anteriormente de que a NF3 é a melhor avaliadora da severidade e, em consequência, da resistência à ferrugem.

Ainda na tabela 38, observa-se que as médias de TRF-PG mostraram correlação significativa apenas com a TRF-PCS ($r = 0,58^{**}$), indicando que as perdas causadas pela ferrugem na produtividade de grãos (TRF-PG) estão correlacionadas positivamente com a diminuição no tamanho das sementes (TRF-PCS), o que pode ser explicado pelo fato do PCS ser um dos componentes da produtividade em soja (DALCHIAVON; CARVALHO, 2012; PANDINI; VELLO; LOPES, 2002). Esta correlação indica que a reunião dos dois caracteres (TRF-PG e TRF-PCS) deve melhorar a eficiência da seleção para tolerância à ferrugem.

Uma tendência esperada seria a ocorrência de correlações negativas entre as TRF (tanto TRF-PG quanto TRF-PCS) e PG, ou seja, maiores valores de TRF associados com menores valores de PG. Apesar da estimativa da correlação estar no sentido esperado ($-0,14^{ns}$ para as duas TRF's, Tabela 38), a sua magnitude foi baixa e não-significativa, indicando que a referida associação até ocorreu, mas em pequena intensidade.

Também na Tabela 38, outras correlações esperadas seriam entre TRF e NF, com valores positivos, indicativos de que as duas metodologias permitiriam a seleção de genótipos com reação favorável à ferrugem asiática. Todavia, as correlações foram não-significativas e de magnitudes baixas: TRF-PG x NF1 ($-0,04^{ns}$), TRF-PG x NF2 ($+0,07^{ns}$), TRF-PG x NF3 ($+0,18^{ns}$), TRF-PCS x NF1 ($+0,20^{ns}$), TRF-PCS x NF2 ($+0,22^{ns}$) e TRF-PCS x NF3 ($+0,22^{ns}$). Embora não-significativas, houve tendência das correlações entre TRF-PCS x NF serem mais altas do que as TRF-PG x NF. Finalmente, pode-se considerar que a falta de correlação entre TRF e NF foi indicativa de que as duas metodologias avaliaram mecanismos diferentes de reação à ferrugem, uma vez que a metodologia de avaliação por notas de severidade da ferrugem (NF) está relacionada com mecanismos de resistência (lesões tipo TAN com

resistência horizontal; lesões tipo RB com resistência vertical), enquanto que a metodologia TRF está relacionada com mecanismos de tolerância. Como discutido anteriormente, a associação das resistências vertical e horizontal em um mesmo genótipo é desejada (VELLO; CARVALHO, 2013; WYSMIERSKI, 2015), assim, as duas metodologias seriam complementares e, possivelmente, mais eficientes se usadas em conjunto na seleção de genótipos de soja com reações mais favoráveis à ferrugem asiática.

4.6 Seleção de genótipos superiores a partir de linhagens experimentais F_{5:7}

4.6.1 Caracterização das linhagens experimentais F_{5:7}

As médias dos genitores e das testemunhas estão apresentadas na Tabela 39, enquanto que as médias das linhagens experimentais F_{5:7} agrupadas pelo método de Scott-Knott para cada caráter estão na Tabela 40. Considerando que os genitores e as testemunhas são linhagens puras e algumas são cultivares elites comerciais, as médias desses genótipos foram utilizadas como referencial, associando-se cada grupo formado pelo teste de Scott-Knott com uma classificação.

Na Tabela 40, observa-se que aproximadamente 26% das linhagens experimentais se enquadraram na classificação de alta produtividade de grãos, com produtividade maior que 3163 kg.ha⁻¹, superando a média dos genitores e das testemunhas (2802 kg.ha⁻¹ e 3055 kg.ha⁻¹ respectivamente; Tabela 39). Esse resultado indicou sucesso na seleção durante as gerações e a possibilidade de se obter linhagens superiores dentre os materiais pesquisados.

De acordo com a tabela 44, as linhagens experimentais de número 23-211-01-03 (Cruz. 29), 23-211-13-01 (Cruz. 30) e 23-211-73-02 (Cruz 35) destacaram-se com PCS superiores a 19,5 g, portanto, com potencial muito favorável para futuro uso como genitores em programas de melhoramento de soja tipo hortaliça ou “edamame”.

Para NDM (Tabela 44), observa-se que entre as linhagens F_{5:7} a mais precoce foi a linhagem 23-213-31-05 (Cruz. 10) com NDM = 116 dias, enquanto que as linhagens 23-214-26-02 (Cruz. 17), 23-214-38-05 (Cruz 18) e 23-211-56-02 (Cruz 34) foram as mais tardias com NDM = 149 dias, resultando em grande amplitude de variação (33 dias) e indicando a possibilidade de sucesso na seleção entre as linhagens. Aproximadamente 13% das linhagens F_{5:7} classificaram-se como “precoces” (NDM ≤ 123,63 dias) e 27% como “semi-precoces” (124,13 ≤ NDM ≤ 131,38 dias).

Na Tabela 40 observa-se que a grande maioria das linhagens classificou-se na categoria de porte médio, apresentando APM entre 73 e 105 cm. Aproximadamente 20% das linhagens

F_{5:7} foram consideradas altas ($APM \geq 105,63$ cm), enquanto que 16% podem ser consideradas baixas ($APM \leq 72,50$ cm), mas todas satisfazem a exigência de $APM > 60$ para a colheita mecanizada. Portanto, a altura da planta não se mostrou um fator limitante entre as linhagens F_{5:7}, viabilizando a prática de nova seleção para APM e até mesmo para outros caracteres.

O acamamento (AC) é um caráter indesejado na maior parte das culturas, principalmente naquelas em que a colheita é mecanizada. A tabela 40 indica que mais de 37% das linhagens F_{5:7} apresentaram comportamento ereto ($AC \leq 1,54$) e 55% semi-ereto ($1,54 \leq AC \leq 2,62$), ou seja, cerca de 92% das linhagens mostraram-se bem adaptadas às condições atuais de cultivo de soja.

O valor agrônômico (VA) é uma medida visual de um conjunto de caracteres desejáveis em genótipos de soja e, conforme já discutido anteriormente, pode contribuir na seleção de genótipos mais produtivos. De acordo com a Tabela 40, as linhagens F_{5:7} não apresentaram diferenciação significativa para VA. Existem duas prováveis explicações principais para a relativa uniformidade do VA das linhagens: primeiramente, a maioria dos genitores são adaptados e, por isso exibiram valores relativamente altos de VA (Tabela 39), além de certamente terem contribuído com os genes para melhor VA aos seus cruzamentos; adicionalmente, os ganhos de seleção para maior VA acumulados em várias gerações de endogamia, também devem ter contribuído para a obtenção de linhagens mais uniformes em VA na geração F_{5:7}.

A Tabela 44 indica que a análise da reação dos genótipos por meio de notas de severidade da ferrugem não detectou diferenças significativas entre as linhagens na primeira avaliação (NF1). Realmente, quando a NF1 foi avaliada logo no início da manifestação da ferrugem, as plantas apresentavam pequenas quantidades de sintomas leves, resultando em média de NF1 = 0,80 (mínimo de 0,40 e máximo de 1,70), ou seja, em severidade ainda bastante reduzida de lesões nas folhas. A partir da segunda avaliação (NF2) foi possível iniciar a diferenciação dos genótipos quanto à reação à ferrugem, porém em apenas duas classes. Em razão das linhagens terem apresentado baixa magnitude de NF2, em relação às testemunhas e genitores (Tabela 39), optou-se por associar os grupos formados pelo método de Scott-Knott às classes “resistentes” (entre 0,5 e 1,25) e de resistência “moderada” (entre 1,33 e 2,50). Já na terceira avaliação (NF3), essa distinção ficou mais nítida, permitindo o agrupamento em três classes. Utilizando como critério a terceira avaliação, foi possível classificar 14% das linhagens como resistentes ($NF3 \leq 1,16$), 47% moderadamente resistentes ($1,22 \leq NF3 \leq 1,74$) e 39% suscetíveis ($NF3 \geq 1,86$) à ferrugem (Tabela 40).

De acordo com a tabela 40, as estimativas das taxas de reação à ferrugem (TRF-PG e TRF-PCS) classificadas em intervalos baseados nas estimativas das testemunhas e genitores (Tabela 39), distribuíram as linhagens $F_{5:7}$ em três classes: os valores de TRF próximos a zero foram associados à tolerância, enquanto que os valores mais distantes de zero indicaram sensibilidade (Wysmierski, 2015); já os valores intermediários foram indicativos de reação moderadamente tolerante. Aproximadamente 41% das linhagens estudadas apresentaram TRF-PG inferior a 15 e foram classificadas como tolerantes; 32% foram classificadas como moderadamente tolerantes (TRF-PG entre 15 e 30) e 27 % como sensíveis (TRF-PG maior que 30). Em relação à TRF-PCS, aproximadamente 45% das linhagens foram classificadas como tolerantes (TRF-PCS inferior a 5), 38% como moderadamente tolerantes (TRF-PCS entre 5 e 10) e 17% como sensíveis (TRF-PCS maior que 10). A concordância entre os resultados obtidos para as classes de TRF-PG e TRF-PCS é um indicativo de que os dois caracteres foram bem associados à tolerância à ferrugem asiática. Esta concordância pode ser explicada, pelo menos parcialmente, pela correlação ($r = 0,58^{**}$, Tabela 38), entre as duas taxas (TRF-PG e TRF-PCS).

Em síntese, 39% das linhagens $F_{5:7}$ mostraram-se suscetíveis (altas notas NF3), enquanto que 27% e 17% das linhagens foram sensíveis, respectivamente com base na TRF-PG e na TRF-PCS.

4.6.2 Seleção de linhagens experimentais $F_{5:7}$ superiores por índice de seleção

Na Tabela 41 são apresentadas as médias das 25 linhagens superiores (aproximadamente 10%) selecionadas através do índice de seleção de soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978), considerando como genótipos superiores aqueles com alta produtividade de grãos (PG), menor ciclo (NDM) e com melhor reação à ferrugem asiática (menores NF3 e TRF-PG).

As 25 linhagens selecionadas apresentaram média de PG = 3282 kg.ha⁻¹ e variação de 2590 a 4228 kg.ha⁻¹ (Tabela 41). Esta média representou um ganho observado de 17% em relação à média dos genitores (Tabela 39) e, além disso, foi 7% maior que a média das testemunhas e 8,5% superior à produtividade média de soja no Brasil (CONAB, 2014).

Na tabela 41, verifica-se que entre as 25 linhagens selecionadas pelo índice da soma de postos, cinco delas destacaram-se com PG acima de 3500 kg.ha⁻¹, a saber:

- +++ 1° 23-217-53-05 (Cruz. 47: M-Soy 8001 x USP 70.080) com 4228 kg.ha⁻¹
- ++ 2° 23-217-68-02 (Cruz. 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com 3918 kg.ha⁻¹
- + 3° 23-217-24-03 (Cruz. 45: M-Soy 8001 x USP 70.004) com 3765 kg.ha⁻¹
- 4° 23-217-47-01 (Cruz. 47: M-Soy 8001 x USP 70.080) com 3518 kg.ha⁻¹
- 5° 23-212-08-03 (Cruz. 1: USP 14-10-38 x USP 70.006) com 3513 kg.ha⁻¹

Na classificação anterior, dois destaques podem ser apontados: primeiramente, o genitor M-Soy 8001 com participação em quatro dos cinco cruzamentos em evidência para PG, fato este que pode ser explicado pela alta capacidade média de combinação estimada para este genitor (Tabela 28); em segundo lugar, a participação do cruzamento 47 (M-Soy 8001 x USP 70.080) em originar duas das cinco linhagens destacadas em PG.

Na seleção de 25 linhagens pelo índice da soma de postos, foram considerados simultaneamente vários caracteres (PG, NDM, NF, TRF), de maneira que algumas linhagens com alta PG não foram selecionadas devido não terem alcançado pontuações máximas em outros caracteres. Para fins de comparação, pode-se considerar o agrupamento das linhagens pelo teste de Scott & Knott somente para o caráter PG, o qual identificou um grupo de oito linhagens líderes em PG (reunidas no grupo “a” na tabela 44), a saber:

- +++ 1° 23-217-53-05 (Cruz. 47: M-Soy 8001 x USP 70.080) com 4228 kg.ha⁻¹
- 2° 23-215-59-02 (Cruz. 27: USP 14-13-16 x A7002) com 3928 kg.ha⁻¹
- ++ 3° 23-217-68-02 (Cruz. 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com 3918 kg.ha⁻¹
- 4° 23-217-34-03 (Cruz. 46: M-Soy 8001 x USP 70.109) com 3903 kg.ha⁻¹
- + 5° 23-217-24-03 (Cruz. 45: M-Soy 8001 x USP 70.004) com 3765 kg.ha⁻¹
- 6° 23-211-04-02 (Cruz. 29: PI 520.733 x USP 70.006) com 3753 kg.ha⁻¹
- 7° 23-217-49-04 (Cruz. 47: M-Soy 8001 x USP 70.080) com 3740 kg.ha⁻¹
- 8° 23-217-51-05 (Cruz. 47: M-Soy 8001 x USP 70.080) com 3740 kg.ha⁻¹

Na comparação das duas classificações (índice de soma de postos para vários caracteres *versus* agrupamento de Scott & Knott somente para PG) observa-se que elas têm em comum apenas três linhagens (marcadas com +++, ++ e +) como destaques. Estas três linhagens alcançaram as primeiras colocações na classificação pelo índice, mas ficaram em 1°, 3° e 5° lugares na classificação baseada somente na PG.

No caso da seleção basear-se no índice, existe a possibilidade de se eliminar linhagens de PG muito alta, como por exemplo aquelas classificadas em 2º e 4º lugares na classificação baseada somente na PG. Este tipo de risco deve ser levado em conta ao se empregar índices de seleção, especialmente este índice da soma de postos, no qual uma diferença simples de um único ponto na classificação de um caráter pode levar à eliminação de uma linhagem líder para outro caráter. Em síntese, o índice é uma ferramenta útil ao melhorista, mas deve ser usado com monitoramento constante de cada caráter de interesse para evitar perdas de genótipos valiosos durante a seleção.

O grande destaque foi o cruzamento 47 (M-Soy 8001 x USP 70.080) que originou duas linhagens líderes na classificação baseada no índice e três linhagens destaques na classificação baseada somente na PG. De acordo com a tabela 44, este cruzamento também apresentou uma quarta linhagem (23-217-47-01, com 3518 kg.ha⁻¹) muito bem classificada, mas no segundo grupo de PG (letra b). Com esta quarta linhagem, o cruzamento 47 alcançaria 80% de suas linhagens finais como destaques em PG. Este desempenho excepcional do cruzamento 47 pode ser explicado pelos altos valores de capacidade média de combinação de seus dois genitores (Tabela 28).

Pela tabela 41, o PCS das 25 linhagens selecionadas variou de 12,4 a 17,3 g, com média de 14,8 g (Tabela 41). O intervalo de variação incluiu a média dos genitores (14,4 g) e das testemunhas (15,9 g), Tabela 39; a amplitude de variação foi relativamente alta (4,9 g ou 33% da média), possivelmente porque o PCS não foi usado como critério de seleção.

Já o número de dias para a maturidade (NDM) foi utilizado como critério de seleção entre as linhagens experimentais F_{5:7}. Os genótipos com menor NDM foram considerados “superiores”, portanto, receberam o menor índice de postos em relação aos demais. A média das linhagens selecionadas foi 131 dias (Tabela 41), igual à média dos genitores (131 dias) e três dias abaixo da média das testemunhas (134 dias). As linhagens selecionadas variaram de 118 a 138 dias em NDM, abrindo possibilidades para a prática de nova seleção visando-se à atender a diversos tipos de demanda de genótipos quanto ao ciclo.

Quanto a APM, as 25 linhagens selecionadas apresentaram média de 94 cm, muito semelhante às médias dos genitores e das testemunhas (Tabelas 39 e 41). Entre as linhagens selecionadas, a mais baixa apresentou APM de 71 cm e a mais alta de 128 cm, ou seja, um intervalo de variação muito favorável.

O acamamento das 25 linhagens selecionadas foi reduzido para AC = 1,73, uma média 12% menor comparativamente à média dos genitores e das testemunhas, evidenciando sucesso na seleção de linhagens mais eretas (Tabelas 39 e 41).

O valor agrônômico não foi considerado diretamente como critério de seleção, uma vez que não foi possível discriminar diferenças entre as linhagens experimentais $F_{5:7}$ para esse caráter. A média de VA nas 25 linhagens selecionadas foi de 3,6 (18% superior à média dos genitores e 27% superior à média das testemunhas, Tabelas 39 e 41). Este aumento de VA nas linhagens selecionadas pode ser explicado pela resposta correlacionada à seleção para maior PG, em consequência da correlação positiva entre PG e VA (Tabela 38).

Em relação à avaliação da severidade da ferrugem por meio de notas visuais (NF), Tabelas 40, 41 e 44, não foi detectada diferença significativa entre as linhagens $F_{5:7}$ para NF1. Nas condições do presente trabalho, a NF1 não foi informativa, ou seja, não discriminou genótipos resistentes e suscetíveis, provavelmente pela avaliação ter sido realizada em uma fase muito inicial dos sintomas e em condições de campo, diferentes das avaliações realizadas por Godoy, Del Ponte e Costamilan (2006), que foram feitas sob condições controladas em casa de vegetação. Dentre as três notas de avaliação da ferrugem asiática, somente a NF3 foi considerada na composição do índice de seleção de soma de postos, porque discriminou melhor as linhagens e apresentou CV relativamente baixo (Tabelas 15, 18, 40 e 44).

Embora os caracteres NF1 e NF2 não tenham sido considerados na composição do índice de seleção, eles mostraram que as linhagens tiveram comportamento médio bem favorável, com médias de severidade respectivamente 7% e 8% abaixo da média dos genitores e respectivamente 30% e 24% abaixo da média das testemunhas (Tabelas 39 e 41). Essa redução das médias de NF1 e NF2 pode ser explicada pelas correlações entre NF1 x NF3 e NF2 x NF3 altas e positivas (Tabela 38), de maneira que com a seleção para resistência (menores NF3) houve também redução das outras duas notas. A NF3 das linhagens selecionadas apresentou média de 1,16, portanto, uma severidade bem abaixo das médias dos genitores (-41%) e das testemunhas (-47%), evidenciando o sucesso na seleção entre linhagens para maior resistência à ferrugem asiática (Tabelas 39 e 41).

A TRF-PG quanto a TRF-PCS, caracteres avaliadores da tolerância/sensibilidade à ferrugem, foram componentes do índice de seleção de soma de postos, considerando-se como favoráveis os genótipos com valores próximos a zero. Os resultados apresentados nas Tabelas 39 e 41 indicaram que a TRF-PG média das 25 linhagens selecionadas foi 19% (37% abaixo da média dos genitores e 6% acima da média das testemunhas), variando de 0% a 62,1% entre as linhagens. Já a média da TRF-PCS foi 6,78%, valor este posicionado entre a média das testemunhas (6,0%) e a média dos genitores (8,5%), variando de 0% a 13,98% entre as linhagens. Portanto, os dois caracteres indicaram que a seleção foi eficiente em aumentar a

tolerância das linhagens à ferrugem e que ainda existe variabilidade remanescente a ser explorada na seleção.

Em síntese, a seleção mostrou eficiência em alterar os caracteres, principalmente aqueles envolvidos no índice de seleção: PG, NDM, NF3 (resistência à ferrugem) e TRF-PG e TRF-PCS (tolerância à ferrugem). Além disso, as 25 linhagens selecionadas ainda apresentaram variabilidade genética remanescente a ser explorada na seleção entre linhagens para a maioria dos caracteres. Embora útil, o índice de seleção baseado na soma de postos deve ser usado com monitoramento constante para se evitar a perda de linhagens líderes para caracteres importantes.

4.6.3 Ganhos realizados com a seleção em relação às médias dos dois genitores (GS_{mg}) e do genitor superior (GS_{gs}) para PG, NDM e reação à ferrugem (NF e TRF)

Os ganhos de seleção observados são apresentados na Tabela 42 (em relação à média dos dois genitores, GS_{mg}) e na Tabela 43 (em relação à média do genitor superior, GS_{gs}) dos cruzamentos que originaram as 25 linhagens experimentais F_{5;7} selecionadas pelo índice de seleção de soma de postos (item 4.6.2).

Para PG, tabelas 42 e 43, as estimativas de GS_{mg} e GS_{gs} variaram de -10% a +33. Das 25 linhagens selecionadas, 14 (56%) apresentaram GS_{gs} positivos de PG e quatro linhagens alcançaram GS_{gs} maiores que + 10% em PG (Tabelas 41 e 44).

A seleção para NDM foi realizada para reduzir o valor do caráter, ou seja, para maior precocidade e os ganhos de seleção observados estão apresentados nas Tabelas 42 e 43. Embora, as 25 linhagens selecionadas tenham apresentado GS_{mg} médio de +1% (aumentando o ciclo em 1%), algumas linhagens destacaram-se por apresentar redução do ciclo de até 10% em relação à média dos genitores. Em relação à média do genitor mais precoce de cada cruzamento (GS_{gs}), as estimativas de ganho variaram de uma redução de até 10% até um aumento de 19% no NDM. Conforme já discutido anteriormente, a seleção de genótipos precoces na população deve ter sido dificultada pelas correlações positiva entre NDM e PG e negativa entre NDM e NF (Tabela 38). Entre as 25 linhagens selecionadas (Tabelas 41 e 44), as que apresentaram menor NDM foram:

- 23-211-25-02 (Cruz. 31: PI 520.733 x USP 70.004) com 118 dias
- 23-211-58-01 (Cruz. 34: PI 520.733 x A7002) com 119 dias
- 23-215-44-04 (Cruz. 26: USP 14-13-16 x USP 70.080) com 123 dias

Os dois primeiros cruzamentos em precocidade tiveram em comum o genitor PI 250.733, o qual certamente contribuiu com seus genes para maior precocidade, uma vez que esse genitor foi destaque na CMC para ciclo precoce.

Os ganhos com a seleção (Tabelas 42 e 43) considerando a NF3 foram sempre negativos, no sentido de reduzir as notas de ferrugem, correspondendo a um ganho observado na seleção de 13% em relação à média dos genitores (GS_{mg}). Em relação ao genitor superior (GS_{gs}) o cenário foi semelhante, sendo que todas as 25 linhagens experimentais selecionadas apresentam redução na NF3, variando de - 30% a - 2%. Os maiores destaques, com valores muito baixos de notas nas avaliações de severidade da ferrugem (NF3), ou seja, com maior resistência à ferrugem, foram as linhagens experimentais:

- 23-213-49-01 (Cruz. 12: USP 14-01-20 x USP 70.080) com NF3 = 0,21
- 23-211-58-01 (Cruz. 34: PI 520.733 x A7002) com NF3 = 0,44
- 23-216-19-03 (Cruz. 37: IAC 100 x USP 70.057) com NF3 = 0,89
- 23-215-10-01 (Cruz. 22: USP 14-13-16 x USP 70.006) com NF3 = 0,89

Para as TRF's, os ganhos observados na seleção baseada no índice da soma de postos foram calculados pela diferença entre o comportamento da linhagem selecionada e os genitores. Em média, as 25 linhagens selecionadas apresentaram reduções de 19% na TRF-PG e de 13% na TRF-PCS, em relação à média dos genitores (GS_{mg}). Porém, analisando os ganhos em relação ao genitor com menor valor de TRF ou superior (GS_{gs}), observou-se um aumento de 15% na média para a TRF-PG e de 33% para a TRF-PCS. Este último fato indicou existirem dificuldades em se aumentar por seleção a tolerância das linhagens para níveis maiores do que aquele do melhor genitor (mais tolerante) de cada cruzamento, possivelmente porque tal genitor já alcançou um nível alto de tolerância.

Com base na TRF-PG, as linhagens mais tolerantes foram:

- 23-217-65-04 (Cruz. 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com TRF-PG = 0 %
- 23-217-69-04 (Cruz. 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com TRF-PG = 1 %
- 23-216-49-02 (Cruz. 40: IAC 100 x USP 70.080) com TRF-PG = 5 %

Já com base na TRF-PCS, as linhagens mais tolerantes foram:

- 23-217-65-04 (Cruz. 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com TRF-PCS = 0 %
- 23-216-49-02 (Cruz. 40: IAC 100 x USP 70.080) com TRF-PCS = 0,62 %
- 23-217-73-01 (Cruz 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com TRF-PCS = 0,62 %
- 23-217-68-02 (Cruz 49: M-Soy 8001 x USP 70.123) com TRF-PCS = 0,78 %

Ao contrário do que foi observado para a severidade da ferrugem (NF3), em que as quatro linhagens mais resistentes envolveram diferentes cruzamentos e genitores, no caso das TRF's houve destaque de dois cruzamentos (nº 49: M-Soy 8001 x USP 70.123 e nº 40: IAC 100 x USP 70.080) em originar todas as linhagens mais tolerantes à ferrugem.

Os caracteres PCS, APM, AC e VA foram considerados como secundários e não participaram do índice de seleção, porém devido principalmente às correlações existentes entre esses caracteres e PG, NDM e NF3 (Tabela 38), as linhagens selecionadas apresentaram ganhos observados em relação aos genitores, no sentido de aumentar o PCS (GSmg = +6% ; GSgs = +3%), manter a APM (GSmg = +1% ; GSmg = - 6%), reduzir o AC (GSmg = - 10% ; GSgs = - 3%) e aumentar o VA (GSmg = +14% ; GSgs = +11%). Em todos os casos, os ganhos ocorreram no sentido favorável, ou seja, da obtenção de genótipos superiores.

Para caracteres quantitativos e em populações melhoradas (Ex.: produtividade de grãos em soja), muitas vezes os ganhos com a seleção por ciclo são de pequenas magnitudes, requerendo um avanço cumulativo em vários ciclos para a obtenção de genótipos superiores. Mesmo com pequenos acréscimos, os ganhos com a seleção podem implicar em grandes ganhos econômicos quando aplicados em larga escala.

Nas genealogias das 25 linhagens experimentais selecionadas pelo índice de seleção da soma de postos para alta produtividade de grãos, baixo NDM, baixas notas de severidade da ferrugem (NF3; resistência) e TRF's (tolerância) (Tabela 41), destacaram-se os genitores M-Soy 8001 (contribuindo com oito linhagens) e IAC 100 (contribuindo com oito linhagens) no Grupo I e os genitores USP 70.080 (contribuindo com sete linhagens) e USP 70.123 (contribuindo com cinco linhagens) no Grupo II do dialelo.

5 CONCLUSÕES

a)As metodologias de avaliação da resistência por meio de notas visuais de severidade (NF) e estimativa da tolerância pela taxa de reação à ferrugem (TRF em manejos de doenças com fungicidas) possibilitaram a discriminação de genótipos superiores quanto à reação à ferrugem, com evidências de serem complementares e úteis para uso em conjunto.

b)A avaliação da severidade em fase mais avançada da infestação da ferrugem (NF3) discriminou melhor os genótipos quanto à resistência à ferrugem, relativamente às avaliações em fases mais iniciais (NF1 e NF2).

c)Houve maior tendência de correlações das capacidades médias de combinação (CMC) entre as gerações para caracteres de alta herdabilidade.

d)A magnitude da variabilidade dentro de cruzamentos oscilou em consequência da seleção e da abertura de progênies e ou linhagens para a maior parte dos caracteres..

e)Apesar das correlações entre número de dias para a maturidade, produtividade de grãos e NF3, houve ganhos observados na seleção de genótipos superiores.

f)Os genitores que mais contribuíram para a obtenção de linhagens experimentais com alta produtividade de grãos, resistentes/tolerantes à ferrugem e precoces foram M-Soy 8001 e IAC 100 no Grupo I e USP 70.080 e USP 70.123 no Grupo II.

REFERÊNCIAS

- ALBERINI, J.L.; MATSUMOTO, M.N.; ZUFFO, N.L. Cultivares de soja para os estados de Mato Grosso do Sul e Mato Grosso. In: SIMPÓSIO SOBRE CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1., Piracicaba, 1991. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1992. p.89-108.
- ALLIPRANDINI, L.F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CAVASSIM, J.E.; GABE, H.L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M.N.; OLIVEIRA, M.A.R.; ITOL, C.; PRADO, L.C.; STECKING, C.; Understanding soybean maturity groups in Brazil. Environment cultivar classification and stability. **Crop Science**, Madison, v.49, p.801-808, 2009.
- ALMEIDA, A.M.R.; FERREIRA, L.P.; YORINORI, J.T.; SILVA, J.F.V.; HENNING, A. A.; GODOY, C.V.; COSTAMILAN, L.M.; MEYER, M.C. Doenças da soja (*Glycine max*). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J. A.M.; BERGAMIN AZEVEDO FILHO, A.; CAMARGO, E.A. **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 4. ed. São Paulo: Ceres, 2005. v. 2, cap. 64, p. 569-596.
- AMORIM, F.A. **Efeito do gene CP4 EPSPS na produtividade de óleo em populações de soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- AMORIM, L. In: BERGAMIN AZEVEDO FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. **Manual de Fitopatologia**. 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1995, v. 1, cap. 15, p. 295-307.
- ARAÚJO, M.M; VELLO, N.A. Characterization of soybean genotypes for Asian soybean rust reaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Londrina, v. 10, p. 197-203, 2010.
- ATHAYDE, M.L.F.; MIRANDA, M.A.C.; SADER, R.; RODRIGUES, R. Comportamento de cultivares e linhagens de soja no município de Araraquara- SP, em áreas de reforma de canavial. In: **SEMINARIO DE PESQUISA DA SOJA**, 3., 1984, Campinas. Anais... Londrina: EMBRAPA/CNPS. 1984. p.406-411.
- BACKES, R.L.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; TEIXEIRA, R.C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 49, n. 282, p. 201-216, 2002.
- BÁRBARO, I, M.; Di MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P.C.; MACHADO, P.C.; BÁRBARO Jr., L.S. Análises genéticas em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas canavieiras. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 5, n.1, Jan-Jun. 2009, p. 07-24.
- BALARDIN, R.S.; MENEGHETTI, R.; NAVARINI, L; DALLAGNOL, L. Como decifrar o enigma: ferrugem asiática. **Cultivar: Grandes Culturas**, Pelotas, v.7, n. 78, n. esp., p. 4-15, 2005.
- BERNARD, R.L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, Madinson, v.11 : 242-4. 1971.

BONATO, E.R.; VELLO, N.A. E₆, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.22, n.2, 229-232. 1999a.

BONATO, E.R.; VELLO, N.A. Aspectos genéticos do tempo para o florescimento em variantes naturais de soja. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.34, n.6, p.989-993, jun. 1999b.

BONDE, M.R.; NESTER, S.E.; AUSTIN, C.N.; STONE, C.L.; FREDERICK, R.D. Evaluation of virulence of *Phakopsora pachyrhizi* and *P. meibomia* isolates. **Plant Disease**. St. Paul, v. 90, n. 6. p. 708-716, 2006.

BROMFIELD, K.R.; HARTWIG, E.E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 20, n. 2, p. 254-255, 1980.

BUZZELL, R.I. e VOLDENG, H.D. Inheritance of insensitivity to long daylength. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, 7: 26-9, 1980.

CALVO, E.S.; KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A.; HARADA, A.; HIROMOTO, D.M. Two major recessive soybean genes conferring soybean rust resistance. **Crop Science**, Madison, v.48, p.1350-1354, 2008.

CÂMARA, G.M.S. Ecofisiologia da cultura da soja. In: SIMPÓSIO SOBRE CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1, Piracicaba, 1991. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1992. p.129-142.

CÂMARA, G.M.S.; SEDIYAMA, T.; DOURADO-NETO, D.; BERNARDES, M.S. Influence of photoperiod and air temperature on the growth, flowering and maturation of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.54, p.149-154, jun. 1997. Número especial.

CARVALHO, R.S.B. ; LIMA, I.A. ; ALVES, F.C. ; SANTOS, J.B. Selection of carioca common bean progenies resistant to white mold. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, p. 172-177, 2013.

CASAS-LEAL, N.E. **Adaptabilidade e estabilidade de progênies de soja tipo hortaliça nos estádios R₆ e R₈ em gerações avançadas de endogamia**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

COBER, E.R., and H.D. VOLDENG. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, Madison, 41:698–701. 2001.

COBER, E.R., S.J. MOLNAR, M. CHARETTE, and H.D. VOLDENG. A new locus for early maturity in soybean. **Crop Science**, Madison, 50:524–527. 2010.

COLOMBARI, J.M.; GERALDI, I.O.; BARONA, M.A.A. Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de grãos em soja. **Ciência e Agrotecnologia**. Lavras, v.34, n.4, p. 940-945, 2010.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos** v.2 – Safra 2014/15, n. 3 – Terceiro Levantamento. Dez 2014.

Disponível em:

<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_12_10_08_51_33_boletim_graos_d_ezembro_2014.pdf>. Acesso em: 02 jan. 2015.

COSTA, J.A. **Cultura da soja**. Porto Alegre: Ed. do autor, 1996. 233p.

COSTA, M.M.; Di MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p. 1095-1102, 2004.

CRUZ, C.D. **Programa GENES - aplicativo computacional em genética e estatística**, Viçosa, MG: UFV, 2009.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª Ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. Vol. 1. 480p.

DALCHIAVON, F.C.; CARVALHO, M.P. Correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.33, n.2, p.541-552, 2012

DEL PONTE, E.M; GODOY, C.V.; LI, X.; YANG, X.B. Predicting severity of asian soybean rust epidemics with empirical rainfall models. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 96, n. 7, p. 797-803, 2006.

EMBRAPA. Doenças e Medidas de Controle. In: **Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil 2007**. Londrina: EMBRAPA Soja, EMBRAPA Cerrados, EMBRAPA Agropecuária Oeste, 2006. p. 169-218

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Prejuízo com ferrugem da soja se mantém estável nesta safra**. Disponível em: <http://www.cnpso.EMBRAPA.br/noticia/ver_noticia.php?cod_noticia=380>. Acesso em: 15 mai. 2007.

EMBRAPA. **Tecnologia de Produção de Soja: Região Central do Brasil 2012 e 2013**. Londrina: EMBRAPA Soja, 2011. 261p.

FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. Stages of soybean development (**Special Report, 80**), Ames: Iowa State University 1977. 12 p.

FERREIRA, E.B.; CAVALCANTI, P.P.; NOGUEIRA, D.A. Experimental Designs: um pacote R para análise de experimentos. **Revista da Estatística UFOP**. Ouro Preto, v.1, n.1, 2011.

FREIRE, F.R.; VELLO, N.A. Combining ability, heterosis, heterobeltiosis in early soybean genotypes. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4, 1989, Buenos Aires. **Proceedings...** Buenos Aires: AASOJA, 1989, v.2, p.953-957.

FRONZA, V.; VELLO, N.A.; CAMARGO, L.E.A. Genetic analysis of soybean resistance to *Fusarium solani* f. sp. *glycines*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.27, n. 3, p. 400 – 408, 2004.

GARCIA, A.; CALVO, E.S.; KIIHL, R. A.S.; HARADA, A.; HIROMOTO, D.M.; VIEIRA, L.G.E. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 117, p. 545-553, 2008.

GODOI, R.C.G.; PEREIRA, F.S.; UMENO, F.; AZARA, N.A.; LIMA, P.M.S.; SILVA, R.P.; OLIVEIRA, A.B.; ARAÚJO, I.M.; ZUCCHI, M.I.; PINHEIRO, J.B. Resistência a insetos em populações de soja com diferentes proporções gênicas de genitores resistentes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 32, n. 1, p. 47-55, 2002.

GODOY, C.V.; DEL PONTE, E.M.; COSTAMILAN, L.M. Epidemiology of soybean rust. In: SOUTH AMERICAN WORKSHOP ON SOYBEAN RUST. 2006, Londrina. **Proceedings...** Londrina: EMBRAPA Soybean, 2006. p. 20.

GODOY, V.V.; KOGA, L.J.; CANTERI, M.G.; Diagramatic scale for assessment of soybean rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.31, n.1, p. 63-68, 2006.

GOMES, R.L.F.; VELLO, N.A.; AZEVEDO FILHO, J.A.A. Genetic analysis of F₆ and F_{6:7} soybean generations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 35-42, 2004.

HARTMAN, G.L.; SINCLAIR, J.B.; RUPE, J.C. **Compendium of soybean diseases**. 4 ed. St. Paul, Minnesota: APS Press. 1999.

HARTMAN, G.L.; WEST, E.D.; HERMAN T.K.. Crops that feed the world 2. Soybean-worldwide production, use and constraints caused by pathogens and pests. **Food security** v.3, p. 5-17, 2011.

HARTMAN, G.L.; WANG, T.C.; TSCHANZ, A.T. Soybean rust development and the quantitative relationship between rust severity and soybean yield. **Plant Disease**, St. Paul, v. 75, n. 6, p. 596-600, 1991.

HARTWIG, E.E. Identification of a fourth major gene conferring resistance to soybean rust. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 4, p. 1135-1136, 1986.

KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4, 1989, Buenos Aires. **Proceedings...** Buenos Aires: AASOJA, 1989, v.2, p.994-1000.

Li, S.; SMITH, J.R.; RAY, J.D.; FREDERICK, R.D. Identification of a new soybean rust resistance gene in PI567102B. **Theoretical Applied Genetics**, Stuttgart, v.125, p.-133-142, 2012.

LOPES, A.C.A.; VELLO, N.A.; PANDINI, F.; ROCHA, M.M.; TSUTSUMI, C.Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.-341-348, 2002.

MARQUES, M.C. **Performance de cruzamentos entre genitores tolerantes à ferrugem asiática da soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.

MAURO, A.O. di.; COSTA, L.C.; PERECIN, D. Análises genéticas no desenvolvimento de variedades de soja para cultivo em áreas de reforma de canavial. **Revista Ceres**, Viçosa, v.46, n.266, p.423-433, 1999.

McBLAIN, B. A.; BERNARD, R. L. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. **The Journal of Heredity**, Washington, 78: 160-2, 1987.

McLEAN, R.J.; BYTH, D.E. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybeans. **Australian Journal Agricultural of Research**, Australia, v. 31, n. 5, p. 951-956, 1980.

MEDEIROS, A.G. **Parâmetros genéticos e potencial agronômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MENEZES, N.L.; GARCIA, D.C.; RUBIN, S.A.L.; BERNARDI, G.E. Caracterização de vagens e sementes de soja. **Ciência Rural**. Santa Maria, v.27, n.3, p.387-391, 1997.

MILES, M.R. **Evaluation of the soybean germplasm collection for resistance to soybean rust**. St Louis: Missouri, 2006.

MIRANDA, M.C.A. Cultivares de soja para o estado de São Paulo. In: SIMPÓSIO SOBRE CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1., Piracicaba, 1991. **Anais**. Piracicaba: FEALQ, 1992. p.109-118.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Citology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1958.

NAZATO, F.M. **Análise da tolerância à ferrugem asiática em dialelo parcial com genitores transgênicos e convencionais**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

ONO, Y.; BURITICA, P.; HENNEN, J.F. Delimitation of *Phakopsora*, *Physopella* and *Cerotelium* and their species on Leguminosae. **Mycological Research**, Cambridge, v. 96, p. 825-850, 1992.

OLIVEIRA, I.J. de. **Relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das raízes em soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

OLIVEIRA, A.C.B.; GODOY, C.V.; MARTINS, M.C. Avaliação da tolerância de cultivares de soja à ferrugem asiática no oeste da Bahia. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 6, p. 658-662, 2005.

OLIVEIRA, I.J. de.; VELLO, N.A.; VIEIRA, P.M.J.; WYSMIERSKI, P.T. Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.57, n.2, p.-178-186, 2014.

PANDINI, F.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A. Performance of agronomic traits in a soybean F_1 diallel system. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v.1, n.3, p. 229-244, 2001.

PANDINI, F.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A. Heterosis in soybeans for seed yield components and associated traits. **Brazilian Archives of Biology and Technology**. Curitiba, v. 45, n.4, p. 401-412, 2002.

PANIZZI, A.R.; PANIZZI, M.C.C.; BAYS, I.A.; ALMEIDA, L.A. Danos por percevejos em genótipos de soja com semente pequena. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 21, n.6, p. 571-577, 1986

PETERNELLI, L.A.; SOUZA, E.F.M.; BARBOSA, M.H.P.; CARVALHO, M.P. Augmented designs in plant breeding under resource constrain. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.9, p. 2425-2430, dez, 2009.

PINHEIRO, J.B. **Seleção para caracteres agronômicos, em diferentes épocas de cultivo, de populações de soja com resistência a insetos**. Piracicaba, 143 p. Tese (Doutorado) –) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PINHEIRO, J.B.; VELLO, N.V.; ROSSETO, C.J.; ZUCCHI, M.I. Potential of soybean genotypes as insect resistance sources. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v.5, p. 294-301, 2005.

POLSON, D.E.. Day-neutrality in soybeans. **Crop Science**. Madison, v.12, p. 773–776, 1972.

PRIOLLI, R.H.G; WYSMIERSKI, P.T; CUNHA, C.P. da; PINHEIRO, J.B.; VELLO, N.A. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Viena, 2014. Disponível em: <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 12 jan. 2015.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, J.A.R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012.522 p.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Editora UFLA, 2005. 326 p.

ROCHA, M.M.; VELLO, N.A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v.58, n. 1, p.69-81, 1999.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT® 9.2 User’s Guide**. Cary, 2008.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v.30, n.3, p. 507-512, 1974.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da soja**: Viçosa: UFV, 1993, 96p.

SOUZA, E.F.M; PATERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Designs and model effects definitions in/ the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, p.369-375, 2006.

SCHAFER, J.F. Tolerance to plant disease. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 9, n. 1, p. 232-252, Sept. 1971.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, p. 507 – 512, 1974.

SILVA, L.A.S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

TAN, Y.J.; YU, Z.L.; LIU, J.L. Studies on the epidemic regulation and control of soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* Sydow. In: INTSOY - INTERNATIONAL SOYBEAN PROGRAM SERIES, 1983, Urbana – Champaign. **Proceedings...** Urbana – Champaign: University of Illinois, 1983. p. 169-174.

TANIMOTO, O.S. **Plantio direto de soja sobre a palhada de cana-de-açúcar**. Campinas: CATI, 2002. 18p (Impressão Especial).

TSCHANZ, A.T; TSAI, B.Y. Evidence of tolerance to soybean rust in soybeans. **Soybean Rust Newsletter**, Urbana – Champaign, v. 6, p. 28-31, 1983.

UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; CARDOSO, G.K.R; DI MAURO, A.O.; BLAT, S.F.; BÁRBARO, I.M.; PINHEIRO, J.B.; NASCIMENTO, A.F. do. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia: FATEC-JB**, Jaboticabal, v.1, n.1, p. 50-57, 2010.

VAN DER PLANK, J.E. Horizontal (polygenic) and vertical (oligogenic) resistance against blight. **American Potato Journal**, Orono, v. 43, n. 2, p. 43-52, Feb. 1966.

VELLO, N.A.; BERNARDI, W.F.J.; PINTO, I.H.V.; NEKATSCHALOW, M.C.; DIDONÉ, C.A.; COGO, A.R. Vegetable soybean research on cultivar development and future market potential in South America with emphasis on Brazil. In: VII WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; VI INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 5.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3, 2004, Foz do Iguaçu. **Proceedings...** Londrina: Embrapa, 2004. p.936-941.

VELLO, N.A.; BROGIN, R.L.; ARIAS, C.A.A. Estratégias de melhoramento para o controle da ferrugem da soja. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA E MERCOSOJA, 2, 2002. Londrina. **Anais...** Londrina: EMBRAPA Soja, 2002, p. 188–196. (CNPSo: Documentos, 180).

VELLO, N.A.; CARVALHO, R.S.B. Melhoramento da soja para resistência genética a doenças. In: Grupo de Estudos Avançados em Fitopatologia (GEAFIT) da Universidade Federal de Viçosa (Eds.). **Melhoramento genético no manejo de doenças de plantas**. Visconde de Rio Branco: Suprema, 2013, p. 81-104 (Capítulo 5).

VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introductions. *Crop Science*, Madison, v.24, p.511-514, 1984.

VELLO, N.A.; SILVA, L.A.S. Genética busca atender ao consumo humano crescente. *Visão Agrícola*, Piracicaba, v. 3, n.5, p.60-62, 2006.

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

VERNETTI, F.J.; VERNETTI JR., F.J. Genética da Soja: Caracteres Qualitativos e Diversidade Genética. Brasília, EMBRAPA Informação e Tecnologia, 2009. 221 p.

VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Theory and analysis of partial diallel crosses. **Genetics and Molecular Biology**. v. 22, n. 4, p. 591 – 599, 1999.

WYSMIERSKI, P.T. ; VELLO, N.A. . The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology** Ribeirão Preto, v. 36, n.4, p. 547-555, 2013.

WYSMIERSKI, P.T **Seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem asiática e produtividade**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

ZAMBOLIM, L.; do VALE, F.X.R.; CHAVES, G.M. Partial resistance of soybean cultivars to *Phakopsora pachyrhizi*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 8, n. 2. p. 117-122, 1983.

ZAMBOLIM, L. **Ferrugem Asiática da soja**. Ed. Viçosa: UFV, 2006. 140p.

YANG, X.B.; TSCHANZ,A.T.; DOWLER,W.M.; WANG,T.C. Development of yields loss models in relation to reductions of components of soybean infected with *Phakopsora pachyrhizi*. **Journal of Phytopathology**,Berlin,v. 81, n.1,1420-1426, 1991.

YOKOMIZO, G.K.; DUARTE, J.B.; VELLO, N.A.; Correlações fenotípicas entre tamanho de grão e outros caracteres em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2235-2241, 2000.

YORINORI, J.T; LAZZAROTO, J.J. **Situação da ferrugem asiática da soja no Brasil e na América do Sul. Documento 236/** Documentos Londrina: EMBRAPA Soja, 2004. 27 p.

ANEXOS

ANEXO A – Tabelas

Tabela 1 - Genitores utilizados no dialelo parcial 7x7 formado pelos cruzamentos entre os dois grupos de sete genitores:

Código do genitor	Grupo I	Genealogias
01	USP 14-10-38 ^a	Conquista x FT-Estrela
02	USP 14-01-20 ^a	FT-Cristalina x IAC-4
03	USP 14-07-05 ^a	IAC-4 x FT-Estrela
04	USP 14-13-16 ^a	FT-Estrela x Forrest
05	PI 520.733	PI 520.733
06	IAC 100	IAC 78-2318 x IAC 12
07	M-Soy 8001	Empaer 10 x Coker 6738
	Grupo II	Genealogias
08	USP 70.006 ^a	Foster x FT 79-3408
09	USP 70.057 ^a	Kirby x FT-2
10	USP 70.004 ^a	(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)
11	USP 70.109 ^a	(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig
12	USP 70.080 ^a	(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)
13	A7002	Suprema x F92-1473
14	USP 70.123 ^a	(Paranagoiana x Jackson 4028) x (Primavera x Forrest)

^aLinhagens experimentais desenvolvidas pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas, Departamento de Genética, ESALQ, USP.

Tabela 2 – Número do cruzamento e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre dois grupos de genitores em um dialelo 7x7, Piracicaba, 2014 (adaptado de OLIVEIRA, 2011).

(continua)

Nº Cruz.	Genitores Envolvidos	Genealogia Detalhada
1	01 x 08 (USP 14-10-38 x USP 70.006)	(Conquista x FT-Estrela) X (Foster x FT 79-3408)
2	01 x 09 (USP 14-10-38 x USP 70.057)	(Conquista x FT-Estrela) X (Kirby x FT-2)
3	01 x 10 (USP 14-10-38 x USP 70.004)	(Conquista x FT-Estrela) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
4	01 x 11 (USP 14-10-38 x USP 70.109)	(Conquista x FT-Estrela) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
5	01 x 12 (USP 14-10-38 x USP 70.080)	(Conquista x FT-Estrela) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
6	01 x 13 (USP 14-10-38 x A7002)	(Conquista x FT-Estrela) X (Suprema x F92-1473)
7	01 x 14 (USP 14-10-38 x USP 70.123)	(Conquista x FT-Estrela)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
8	02 x 08 (USP 14-01-20 x USP 70.006)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Foster x FT 79-3408)
9	02 x 09 (USP 14-01-20 x USP 70.057)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Kirby x FT-2)
10	02 x 10 (USP 14-01-20 x USP 70.004)	(FT-Cristalina x IAC-4)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
11	02 x 11 (USP 14-01-20 x USP 70.109)	(FT-Cristalina x IAC-4) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
12	02 x 12 (USP 14-01-20 x USP 70.080)	(FT-Cristalina x IAC-4) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
13	02 x 13 (USP 14-01-20 x A7002)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Suprema x F92-1473)
14	02 x 14 (USP 14-01-20 x USP 70.123)	(FT-Cristalina x IAC-4)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
15	03 x 08 (USP 14-07-05 x USP 70.006)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Foster x FT 79-3408)
16	03 x 09 (USP 14-07-05 x USP 70.057)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Kirby x FT-2)
17	03 x 10 (USP 14-07-05 x USP 70.004)	(IAC-4 x FT-Estrela)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
18	03 x 11 (USP 14-07-05 x USP 70.109)	(IAC-4 x FT-Estrela) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
19	03 x 12 (USP 14-07-05 x USP 70.080)	(IAC-4 x FT-Estrela) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
20	03 x 13 (USP 14-07-05 x A7002)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Suprema x F92-1473)
21	03 x 14 (USP 14-07-05 x USP 70.123)	(IAC-4 x FT-Estrela)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

Tabela 2 – Número do cruzamento e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre dois grupos de genitores em um dialelo 7x7, Piracicaba, 2014 (adaptado de OLIVEIRA, 2011).

(continuação)

Nº Cruz.	Genitores Envolvidos	Genealogia Detalhada
22	04 x 08 (USP 14-13-16 x USP 70.006)	(FT-Estrela x Forrest) X (Foster x FT 79-3408)
23	04 x 09 (USP 14-13-16 x USP 70.057)	(FT-Estrela x Forrest) X (Kirby x FT-2)
24	04 x 10 (USP 14-13-16 x USP 70.004)	(FT-Estrela x Forrest) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
25	04 x 11 (USP 14-13-16 x USP 70.109)	(FT-Estrela x Forrest) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
26	04 x 12 (USP 14-13-16 x USP 70.080)	(FT-Estrela x Forrest) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
27	04 x 13 (USP 14-13-16 x A7002)	(FT-Estrela x Forrest) X (Suprema x F92-1473)
28	04 x 14 (USP 14-13-16 x USP 70.123)	(FT-Estrela x Forrest)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
29	05 x 08 (PI 520.733 x USP 70.006)	(PI 520.733) X (Foster x FT 79-3408)
30	05 x 09 (PI 520.733 x USP 70.057)	(PI 520.733) X (Kirby x FT-2)
31	05 x 10 (PI 520.733 x USP 70.004)	(PI 520.733) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
32	05 x 11 (PI 520.733 x USP 70.109)	(PI 520.733) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
33	05 x 12 (PI 520.733 x USP 70.080)	(PI 520.733) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
34	05 x 13 (PI 520.733 x A7002)	(PI 520.733) X (Suprema x F92-1473)
35	05 x 14 (PI 520.733 x USP 70.123)	(PI 520.733) X [(Paranagoiana x Jackson 4028) x (Primavera x Forrest)]
36	06 x 08 (IAC 100 x USP 70.006)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Foster x FT 79-3408)
37	06 x 09 (IAC 100 x USP 70.057)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Kirby x FT-2)
38	06 x 10 (IAC 100 x USP 70.004)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
39	06 x 11 (IAC 100 x USP 70.109)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
40	06 x 12 (IAC 100 x USP 70.080)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
41	06 x 13 (IAC 100 x A7002)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Suprema x F92-1473)
42	06 x 14 (IAC 100 x USP 70.123)	(IAC 78-2318 x IAC-12)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

Tabela 2 – Número do cruzamento e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre dois grupos de genitores em um dialelo 7x7, Piracicaba, 2014 (adaptado de OLIVEIRA, 2011).

(conclusão)

Nº Cruz.	Genitores Envolvidos		Genealogia Detalhada
43	07 x 08	(M-Soy 8001 x USP 70.006)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Foster x FT 79-3408)
44	07 x 09	(M-Soy 8001 x USP 70.057)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Kirby x FT-2)
45	07 x 10	(M-Soy 8001 x USP 70.004)	(Empaer 10 x Coker 6738)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
46	07 x 11	(M-Soy 8001 x USP 70.109)	(Empaer 10 x Coker 6738) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
47	07 x 12	(M-Soy 8001 x USP 70.080)	(Empaer 10 x Coker 6738) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
48	07 x 13	(M-Soy 8001 x A7002)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Suprema x F92-1473)
49	07 x 14	(M-Soy 8001 x USP 70.123)	(Empaer 10xCoker 6738)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

Tabela 3 - Estádios fenológicos de plantas de soja, segundo Fehr e Caviness (1977).

Estádio	Descrição
<i>Fase vegetativa</i>	
VC	Da emergência a cotilédones abertos.
V1	Primeiro nó; folha unifoliolada aberta.
V2	Segundo nó; primeiro trifólio aberto.
V3	Terceiro nó; segundo trifólio aberto.
Vn	Enésima (ultimo nó com trifólio aberto, antes da floração).
<i>Fase reprodutiva</i>	
R1	Início da floração.
R2	Floração plena
R3	Início da formação de vagens
R4	Vagens completamente desenvolvidas.
R5	Início da formação de sementes.
R6	Vagens com granação completa, folha verdes.
R7	Início da maturação (50% de amarelecimento de folhas e vagens).
R8	Ponto de maturação e colheita.

Tabela 4 – Escala de notas proposta para avaliação do acamamento das plantas (OLIVEIRA, 2011)

Nota	Descrição
1-	Quase todas as plantas eretas;
2-	Plantas ligeiramente inclinadas ou algumas plantas acamadas;
3-	Plantas moderadamente inclinadas ou 25 a 50% de plantas acamadas;
4-	Plantas consideravelmente inclinadas ou 50 a 80% de plantas acamadas;
5-	Todas as plantas acamadas.

Tabela 5 – Resumo das informações sobre os experimentos. Três locais, Piracicaba, 2008/2014.

Geração	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}
Ano agrícola	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13	2013/14
Locais	ESALQ	ESALQ	Anhumas	Areão	Areão	ESALQ e Areão
Delineamento	DBC1	DBC	DBAF2	DBAF	DBAF	DBC
Repetições/conjuntos	6/ 0	2/49	1/49	1/7	1/17	2/7
Parcela	12 covas SHDT ³	1 fileira	1 fileira	1 fileira	1 fileira	1 fileira
Espaçamento	0,8m x 0,8m	2m x 0,5m	5m x 0,5m	5m x 0,5m	2m x 0,5m	2m x 0,5m
No de progênies por cruzamento	72 plantas	40	20	10	20	5
Conduzido em dois fungicidas	Não	Não	Sim	Sim	Sim	Sim
Experimento adicional com genitores	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim

¹: Delineamento de Blocos Casualizados; ²: Delineamento de Blocos Aumentados de Federer (FEDERER, 1956); ³: Single Hill Descent Thinned.

Tabela 6– Resumo das estimativas de coeficientes de variação experimentais (CV%) e herdabilidades (h^2) relatadas em uma amostra de trabalhos envolvendo a cultura da soja entre os anos de 1999 e 2014.

	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF	FONTE
CV%	23,51	-	-	-	-	-	-	Rocha e Vello, 1999
	51,66	20,85	8,64	46,47	-	-	-	Backes et al., 2002
	30,33	-	2,28	8,95	14,55	-	-	Rossmann, 2001
	13,09	-	1,61	7,28	-	2,96	-	Lopes et al., 2002
	31,56	-	2,15	9,03	-	6,00	-	Gomes, Vello e Azevedo Filho, 2004
	18,10	4,40	1,70	15,70	-	-	-	Silva, 2008
	-	-	1,38	-	-	-	-	Alliprandini et al., 2009
	20,08	-	2,30	12,79	13,32	19,93	10,72	Medeiros, 2009
	12,93	-	1,62	10,48	20,48	28,51	-	Unêda-Trevisoli et al., 2010
	26,96	-	2,19	9,65	17,45	13,16	-	Amorim, 2011
	25,90	-	2,40	13,60	9,40	7,20	-	Oliveira, 2011
	12,50	-	1,90	-	-	-	-	Oliveira et al., 2014
	24,79	6,87	1,64	-	-	-	-	Marques, 2014
Média	24,28	10,71	2,48	14,88	15,04	12,96	10,72	
Desvio Padrão	10,87	8,87	1,97	12,14	4,20	9,72	-	
h^2 %	72,00	-	82,00	94,00	89,00	-	-	Rossmann, 2001
	58,62	46,67	58,97	80,90	-	-	-	Backes et al., 2002
	-	-	85,00	82,00	-	-	-	Alliprandini et al., 2009
	39,00	-	81,00	57,00	-	53,00	-	Gomes, Vello e Azevedo Filho, 2004
	76,40	96,20	94,60	83,40	66,70	65,00	-	Silva, 2008
	53,00	-	64,00	39,00	-	74,00	-	Medeiros, 2009
	72,14	-	99,42	82,94	81,85	67,25	-	Unêda-Trevisoli et al., 2010
	26,60	-	60,70	-	-	29,07	-	Oliveira, 2011
	39,00	-	93,00	-	-	-	-	Amorim, 2011
Média	52,11	71,43	79,59	70,87	74,28	57,66	-	
Desvio Padrão	18,39	35,03	16,28	18,63	10,71	17,69	-	

Tabela 7 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres produtividade de grãos (PG) e peso de cem sementes (PCS) Piracicaba (Anhumas), 2010/11, progênies F_{2:4}.

	FONTE DE VARIAÇÃO	PG			PCS		
		GL	QM		GL	QM	
2010/11	Fungicidas (F)	1	23440501	**	1	3250,2	**
	Conjuntos / F	96	901518	ns	96	44,5	**
	Genótipos (G)	52	3420026	**	52	80,7	**
	Cruzamentos (C)	48	2558835	**	48	72,5	**
	Testemunhas (T)	3	17199080	**	3	117,1	**
	C vs T	1	3420025	**	1	365,2	**
	F x G	52	897688	ns	52	5,56	*
	F x C	48	517436	ns	48	2,66	ns
	F x T	3	6070972	**	3	43,7	**
	F x (C vs T)	1	3629918	*	1	30,3	**
	Resíduo	1986	833027		2127	2,45	
	Dentro de C		1542535	**		12,4	**
	Média Dentro de T		694011			2,57	
	h ² amplo	0,55			0,79		
	CV%	28			11		
	Média ¹	3185			14,5		
	C	3309	b		14,3	b	
	T	3354	a		15,4	a	
	FAS	3444	a		15,7	a	
	DFC	3091	b		13,3	b	
	TRF	-11			-19		

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 8 – Resumo das análises de variância para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM), Piracicaba (Areão), 2011/12, progênies F_{2:5}.

	PG			PCS			NDM		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
FONTE DE VARIAÇÃO									
Fungicidas (F)	1	59534421	**	1	406,7	**	1	614,14	**
Conjuntos / F	12	230092	ns	12	2,05	ns	12	17,63	ns
Genótipos (G)	53	548146	**	53	31,9	**	53	298,35	**
Cruzamentos (C)	48	577833	**	48	33,1	**	48	215,00	**
Testemunhas (T)	4	191902	ns	4	12,2	*	4	1370,00	**
C vs T	1	548146	ns	1	49,1	**	1	12,50	ns
F x G	53	566650	**	53	2,74	ns	53	26,56	ns
F x C	48	609495	**	48	2,82	ns	48	26,85	ns
F x T	4	84899	ns	4	1,47	ns	4	21,06	ns
F x (C vs T)	1	437087	ns	1	3,90	ns	1	34,70	ns
Resíduo	929	158105		929	2,51		928	19,93	
Dentro de cruzamentos		342156	**		11,6	**		108,56	**
Dentro de testemunhas		194394			2,11			16,72	
h ² amplo	0,43			0,82			0,85		
CV%	12			12			3		
Média ¹	3312			13,0			141		
C	3309	a ¹		12,9	b		141	a	
T	3354	a		13,9	a		140	b	
FAS	3674	a		13,6	a		141	a	
DFC	2948	b		12,4	b		140	b	
TRF	-25			-10			-1		

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 9 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agronômico (VA), Piracicaba (Areão), 2011/12, progênie F_{2:5}.

	APM			AC			VA		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Fungicidas (F)	1	72,4	ns	1	1,4987	**	1	0,0153	ns
Conjuntos / F	12	92,2	ns	12	0,0476	ns	12	0,0098	ns
Genótipos (G)	53	2099,0	**	53	0,5205	**	53	0,0740	**
Cruzamentos (C)	48	2024,6	**	48	0,5470	**	48	0,0735	**
Testemunhas (T)	4	3100,8	**	4	0,3036	**	4	0,0793	**
C vs T	1	1659,4	**	1	0,1159	ns	1	0,0763	*
F x G	53	161,5	ns	53	0,1228	**	53	0,0202	**
F x C	48	163,7	ns	48	0,1277	**	48	0,0222	**
F x T	4	124,4	ns	4	0,0948	*	4	0,0010	ns
F x (C vs T)	1	208,5	ns	1	0,0017	ns	1	0,0003	ns
Resíduo	930	155,5		929	0,0382		930	0,0116	ns
Dentro de cruzamentos		603,2	**		0,1031	**		0,0456	**
Dentro de testemunhas		125,0			0,0424			0,0075	
h ² amplo	0,79			0,59			0,84		
CV%	12			12			6		
Média ¹	100			2,28			3,10		
C	100	b		2,27	a		3,09	b	
T	105	a		2,41	a		3,21	a	
FAS	100	a		2,40	a		3,09	a	
DFC	100	a		2,15	b		3,06	a	
TRF	1			-11			-1		

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 10 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM), Piracicaba (Areão), 2012/13, linhagens F_{5;6}.

	PG			PCS			NDM		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
2012 / 13									
FONTE DE VARIAÇÃO									
Fungicidas (F)	1	2172	ns	1	122,7	**	1	0,03	ns
Conjuntos / F	32	645129	**	32	4,81	ns	32	10,3	ns
Genótipos (G)	53	1494439	**	53	57,5	**	53	705,7	**
Cruzamentos (C)	48	1319702	**	48	56,6	**	48	400,2	**
Testemunhas (T)	4	3630245	**	4	28,1	**	4	4525,7	**
C vs T	1	1338553	ns	1	222,3	**	1	91,1	ns
F x G	53	717054	**	53	3,32	ns	53	10,8	ns
F x C	48	769177	**	48	3,04	ns	48	11,8	ns
F x T	4	221886	ns	4	6,72	ns	4	1,11	ns
F x (C vs T)	1	195854	ns	1	3,26	ns	1	2,73	ns
Resíduo	2200	352550		2061	3,77		2070	28,5	
Dentro de cruzamentos		478130	**	858	13,83	**		136,4	**
Dentro de testemunhas		300924			1,37			3,82	
h ² amplo		0,37			0,90			0,97	
CV%		17			12			4	
Média ¹		3447			16,2			129	
C		3436	a		16,2	b		129	a
T		3572	a		17,3	a		129	a
FAS		3447	a		16,5	a		129	a
DFC		3447	a		16,0	b		129	a
TRF		0			-3			0	

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 11 Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agronômico (VA), Piracicaba (Areão), 2012/13, linhagens F_{5:6}.

	APM			AC		VA	
	GL	QM		GL	QM	GL	QM
Fungicidas (F)	1	1435,7	*	1	1,4987 ^{ns}	1	0,0566 [*]
Conjuntos / F	32	151,2	^{ns}	32	0,0476 ^{ns}	32	0,0097 ^{ns}
Genótipos (G)	53	6597,4	**	53	0,7354 ^{**}	53	0,1531 ^{**}
Cruzamentos (C)	48	6332,6	**	48	0,7013 ^{**}	48	0,1516 ^{**}
Testemunhas (T)	4	10962,7	**	4	1,3144 ^{**}	4	0,1071 ^{**}
C vs T	1	1847,6	**	1	0,0536 ^{ns}	1	0,4094 ^{**}
F x G	53	256,8	^{ns}	53	0,1228 ^{**}	53	0,0165 ^{ns}
F x C	48	276,2	^{ns}	48	0,1190 ^{**}	48	0,0171 ^{ns}
F x T	4	81,2	^{ns}	4	0,0092 ^{ns}	4	0,0126 ^{ns}
F x (C vs T)	1	28,5	^{ns}	1	0,7627 [*]	1	0,0051 ^{ns}
Resíduo	2070	264,3		2070	0,0382	2070	0,0137
Dentro de cruzamentos		1010,5	**	858	0,136 ^{**}		0,036 ^{**}
Dentro de testemunhas		80,6			0,0357		0,0084
h ² amplo	0,92			0,74		0,76	
CV%	17			12		6	
Média ¹	95			1,92		3,50	
C	95	b		1,92	a	3,49	B
T	98	a		1,88	a	3,69	A
FAS	94	b		1,91	a	3,50	A
DFC	96	a		1,93	a	3,46	B
TRF	2			1		-1	

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 12 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres nota de ferrugem 1 (NF1), nota de ferrugem 2 (NF2) e nota de ferrugem 3 (NF3), Piracicaba (Areão), 2012/13, linhagens F_{5;6}.

	FONTE DE VARIACÃO	NF1			NF2			NF3		
		GL	QM		GL	QM		GL	QM	
2012/13	Conjuntos	16	1,9841	**	16	0,0494	ns	16	0,0823	**
	Genótipos (G)	53	0,128	**	53	0,082	**	53	0,1145	**
	Cruzamentos (C)	48	0,1196	**	48	0,0758	**	48	0,11	**
	Testemunhas (T)	4	0,2292	**	4	0,1568	**	4	0,1695	**
	C vs T	1	0,128	ns	1	0,082	ns	1	0,1145	ns
	Resíduo	1035	0,0531		1035	0,0313		1035	0,0339	
	Dentro de cruzamentos		0,0681			0,0372			0,0492	
	Dentro de testemunhas		0,0422			0,0352			0,0415	
	h ² amplo		0,03			0,05			0,16	
	CV%		11,72			11,38			11,25	
	Média ¹		1,82			2,42			2,68	
	C		1,81	a		2,42	a		2,66	a
	T		1,93	a		2,52	a		2,82	a

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 13– Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM), Piracicaba (Areão e ESALQ), 2013/14, linhagens F_{5:7}.

FONTE DE VARIAÇÃO	PG			PCS			NDM		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Locais (L)	1	7673071	**	1	198,30	**	1	3438,99	**
Fungicidas (F)	1	11971413	**	1	241,25	**	1	4,91	ns
Blocos / F	1	5986404	**	1	41,40	**	1	37,79	ns
Conjuntos / Blocos	12	337448	ns	12	5,55	**	12	31,13	ns
Genótipos (G)	53	1429481	**	53	26,50	**	53	1259,08	**
Cruzamentos (C)	48	1163103	**	48	21,14	**	48	486,06	**
Testemunhas (T)	4	4626015	**	4	90,50	*	4	10519,13	**
C vs T	1	1429481	**	1	27,85	**	1	1324,02	ns
L x F	1	1880023	**	1	16,13	*	1	32,42	ns
L x G	53	520384	**	53	7,28	**	53	89,33	**
L x C	48	539742	**	48	6,20	**	48	52,27	**
L x T	4	369251	**	4	9,41	ns	4	55,08	**
L x (C vs T)	1	195761	ns	1	50,50	ns	1	2005,29	**
F x G	53	318397	ns	53	2,25	ns	53	33,58	ns
F x C	48	336557	ns	48	2,28	ns	48	36,89	ns
F x T	4	170915	*	4	1,17	ns	4	1,41	ns
F x (C vs T)	1	36632	ns	1	5,27	ns	1	3,34	ns
L x F x G	53	413808	*	53	1,90	ns	53	36,11	ns
L x F x C	48	442261	ns	48	2,01	ns	48	39,36	ns
L x F x T	4	167442	*	4	0,74	ns	4	3,39	ns
L x F x (C vs T)	1	33523	ns	1	0,98	ns	1	10,83	ns
Resíduo	1967	646910		1982	2,45		1844	34,79	
Dentro de cruzamentos		1024779			19,45			572,63	
Dentro de testemunhas		288811			1,86			3,65	
h ² amplo	0,72			0,90			0,99		
CV%	29			10			4		
Média ¹	2780			15,6			133		
C	2793	a		15,5	b		133	A	
T	2690	b		16,7	a		133	A	
FAS	2891	a		15,9	a		133	A	
DFC	2669	b		15,3	b		133	A	
TRF	-8			-4			0		
Areão	2691	b		15,4	b		131	B	
ESALQ	2871	a		15,9	a		134	A	

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

1 Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 14 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agronômico (VA), Piracicaba (Areão e ESALQ), 2013/14, linhagens F_{5:7}.

FONTE DE VARIAÇÃO	APM		AC		VA	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Locais (L)	1	19393,9 **	1	0,3004 *	1	0,0967 ns
Fungicidas (F)	1	6606,9 **	1	1,2827 **	1	0,4085 **
Blocos / F	1	1249,0 *	1	0,6890 **	1	0,0012 ns
Conjuntos / Blocos	12	223,5 ns	12	0,0251 ns	12	0,0312 ns
Genótipos (G)	53	6684,0 **	53	0,8785 **	53	0,2095 **
Cruzamentos (C)	48	6100,0 **	48	0,6265 **	48	0,1844 **
Testemunhas (T)	4	13691,7 **	4	3,9018 **	4	0,5117 **
C vs T	1	6684,0 **	1	0,8839 **	1	0,2095 ns
L x F	1	907,9 *	1	1,4681 **	1	0,0082 ns
L x G	53	276,3 *	53	0,1852 **	53	0,0528 **
L x C	48	290,9 **	48	0,1849 **	48	0,0551 **
L x T	4	163,6 ns	4	0,1372 **	4	0,0265 ns
L x (C vs T)	1	23,4 ns	1	0,3926 *	1	0,0458 ns
F x G	53	149,1 ns	53	0,1090 **	53	0,0307 ns
F x C	48	159,4 ns	48	0,1132 **	48	0,0321 ns
F x T	4	60,0 ns	4	0,0722 ns	4	0,0199 ns
F x (C vs T)	1	10,7 ns	1	0,0556 ns	1	0,0088 ns
L x F x G	53	114,5 ns	53	0,0954 **	53	0,0363 *
L x F x C	48	117,4 ns	48	0,0992 **	48	0,0383 ns
L x F x T	4	94,4 ns	4	0,0615 ns	4	0,0206 ns
L x F x (C vs T)	1	57,4 ns	1	0,0496 ns	1	0,0015 ns
Resíduo	1996	199,3	1984	0,0557	1999	0,0253
Dentro de cruzamentos		2385,6		0,3087		0,1128
Dentro de testemunhas		95,7		0,0255		0,0249
h ² amplo		0,96		0,92		0,78
CV%		16		16		8
Média ¹		89		1,77		3,19
C		89 b		1,74 b		3,19 a
T		91 a		1,94 a		3,16 a
FAS		88 b		1,84 a		3,14 b
DFC		91 a		1,69 b		3,24 a
TRF		4		-9		3
Areão		86 b		1,49 b		1,91 b
ESALQ		92 a		1,52 a		1,93 a

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade

Tabela 15 – Resumo das análises de variância de cruzamentos de soja para os caracteres nota de ferrugem 1 (NF1), nota de ferrugem 2 (NF2) e nota de ferrugem 3 (NF3), Piracicaba (Areão e ESALQ), 2013/14, linhagens F_{5:7}.

	FONTE DE VARIAÇÃO	NF1			NF2			NF3		
		GL	QM		GL	QM		GL	QM	
2013 /14	Locais (L)	1	109,344	**	1	32,477	**	1	0,5276	**
	Conjuntos	12	1,0352	**	12	0,0796	ns	12	0,1167	ns
	Genótipos (G)	53	1,2288	**	53	0,0796	*	53	0,2117	**
	Cruzamentos (C)	48	1,0672	**	48	0,0719	*	48	0,1989	**
	Testemunhas (T)	4	3,1679	**	4	0,1721	*	4	0,347	**
	C vs T	1	1,2288	**	1	0,0803	ns	1	0,2886	**
	L x G	53	1,0138	**	53	0,05	ns	53	0,1087	**
	L x C	48	1,0693	**	48	0,0507	ns	48	0,1156	**
	L x T	4	0,5964	ns	4	0,0501	ns	4	0,0533	ns
	L x (C vs T)	1	0,0232	ns	1	0,0174	ns	1	0,01	ns
	Resíduo	994	0,4532		992	0,0498		885	0,0667	
	Dentro de cruzamentos		0,0533			0,0710			0,1107	
	Dentro de testemunhas		0,0507			0,0434			0,0728	
	h ² amplo		0,05			0,39			0,34	
	CV%		76			17			15	
	Média ¹		0,89			1,34			1,70	
	Areão		0,52	b		1,22	b		1,61	b
	ESALQ		1,26	a		1,46	a		1,77	a
	C		0,88	a		1,35	a		1,73	a
	T		0,97	a		1,29	b		1,46	b

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade

Tabela 16 – Resumo da análise de variância conjunta de cruzamentos de soja para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM), Piracicaba, 2010 a 2014. (continua)

ANÁLISE DE VARIÁVEIS (ANOVA), REGRESSÃO, TESTE DE DIFERENÇAS (CONJUNTA)										
	PG			PCS			NDM			
	FONTE DE VARIAÇÃO	GL	QM	GL	QM		GL	QM		
CONJUNTA	Repetições/F	2	126752	ns	2	45,1	**	2	76,0	ns
	Conjunto/Rep	54	1086131	**	54	41,4	**	22	27,7	ns
	Anos (A)	3	35010748	**	3	2269,8	**	2	20214,9	**
	Locais (L)	2	7779262	**	2	1227,6	**	1	113,2	ns
	Fungicidas (F)	1	73211666	**	1	2487,7	**	1	540,0	**
	Genótipos (G)	52	2220010	**	52	157,0	**	52	1867,2	**
	Cruzamentos (C)	48	1869883	**	48	162,1	**	48	1155,9	**
	Testemunhas (T)	4	5869808	**	4	57,5	**	4	10397,7	**
	C vs T	1	2206933	**	1	153,7	**	1	13,6	ns
	A x L	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	A x F	3	14071457	**	3	419,2	**	2	210,4	**
	A x G	158	1538466	**	158	17,0	**	106	111,5	**
	A x C	144	1503810	**	144	16,3	**	96	110,8	**
	A x T	11	1993256	**	11	30,5	**	8	130,9	**
	A x (C vs T)	1	4603237	ns	1	7,34	ns	1	135,8	**
	L x F	2	1173845	ns	2	587,2	**	1	126,6	ns
	L x G	105	1747518	**	105	23,7	**	53	144,6	**
	L x C	96	1670371	**	96	24,0	**	48	135,9	**
	L x T	7	2728941	**	7	20,5	**	4	146,4	**
	L x (C vs T)	1	4031114	**	1	41,3		1	553,3	
	F x G	53	498971	ns	53	12,4	**	53	20,8	ns
	F x C	48	470643	ns	48	12,6	**	48	21,4	ns
	F x T	4	834774	ns	4	12,5	**	4	14,9	ns
	F x (C vs T)	1	515482	ns	1	3,63	ns	1	13,7	ns
	L x F x G	105	612485	*	105	4,15	ns	53	0,46	ns
	L x F x C	96	554176	ns	96	3,77	ns	48	20,8	ns
	L x F x T	7	1147242	*	7	6,70	ns	4	5,13	ns
	L x F x (C vs T)	1	3079331	*	1	27,5		1	0,01	ns
	A x F x G	158	831339	**	158	6,31	**	106	29,4	ns
	A x F x C	144	836329	**	144	6,31	**	96	31,1	ns
	A x F x T	11	742828	ns	11	5,16	ns	8	8,68	ns
	A x F x (C vs T)	1	2749052	**	1	31,06	**	1	55,8	ns
	A x L x G	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	A x L x F	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	A x L x F x G	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Resíduo	7150	447133		7306	3,18		4985	30,41	
	CV%	21,03			11,79			4,15		

Tabela 16 – Resumo da análise de variância conjunta de cruzamentos de soja para os caracteres produtividade de grãos (PG), peso de cem sementes (PCS) e número de dias para maturidade (NDM), Piracicaba, 2010 a 2014.

(conclusão)

CONJUNTA		PG		PCS		NDM	
	Média ¹	3180		15,1		133	
	C	3172	a ¹	15,0	b	133	a
	T	3234	a	16,0	a	133	a
	2010/11	3268	d	14,5	c		
	2011/12	3312	b	13,0	d	141	a
	2012/13	3447	a	16,2	a	129	c
	2013/14	2780	d	15,6	b	133	b
	FAS	3317	a	15,7	a	133	a
	DFC	3054	b	14,5	b	132	b
	TRF	-9		-8		-0,28	
	Anhumas	3268	a	14,5	c		
	Areão	3223	a	15,9	a	134	a
	ESALQ	2871	b	15,2	b	133	a

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade

Tabela 17 – Resumo da análise de variância conjunta de cruzamentos de soja para os caracteres altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agronômico (VA), Piracicaba, 2010 a 2014.

(continua)								
FONTE DE VARIAÇÃO	APM			VA			AC	
	GL	QM		GL	QM		GL	QM
Repetições	2	707,6	ns	2	0,0002	ns	2	0,1952
Conjunto/Rep	22	198,2	ns	22	0,0187	ns	22	0,0381
Anos (A)	2	34948,2	**	2	0,6594	**	2	7,7074
Locais (L)	1	26,5	ns	1	0,1258	*	1	1,2832
Fungicidas (F)	1	4208,4	**	1	0,0112	ns	1	1,8214
Genótipos (G)	52	11674,7	**	52	0,2389	**	52	1,4139
Cruzamentos (C)	48	11116,8	**	48	0,2327	**	48	1,2745
Testemunhas (T)	4	18369,8	**	4	0,3130	**	4	3,0893
C vs T	1	0,01	ns	1	0,0000	ns	1	-0,0147
A x L	-	-	-	-	-	-	-	-
A x F	2	878,6	*	2	0,2178	**	2	0,7871
A x G	106	744,8	**	106	0,1046	**	106	0,2511
A x C	96	749,7	**	96	0,1051	**	96	0,2595
A x T	8	798,8	**	8	0,0799	**	8	0,1426
A x (C vs T)	1	584,6	ns	1	0,3533	**	1	0,5568
L x F	1	0,09	ns	1	0,1124	*	1	1,6684
L x G	53	443,4	**	53	0,0511	**	53	0,1490
L x C	48	470,2	**	48	0,0555	**	48	0,1040
L x T	4	223,3	ns	4	0,0063	ns	4	0,1091
L x (C vs T)		38,1		1	0,0219	ns	1	2,4696
F x G	53	176,2	ns	53	0,0236	ns	53	0,1156
F x C	48	188,8	ns	48	0,0257	*	48	0,1193
F x T	4	55,3	ns	4	0,0024	ns	4	0,0984
F x (C vs T)	1	52,8	ns	1	0,0072	ns	1	0,0060
L x F x G	53	139,3	ns	53	0,0208	ns	53	0,1228
L x F x C	48	147,7	ns	48	0,1286	**	48	0,1286
L x F x T	4	66,0	ns	4	0,0827	ns	4	0,0827
L x F x (C vs T)	1	30,6	ns	1	-5,4005		1	0,0052
A x F x G	106	203,9	ns	106	0,0265	**	106	0,1770
A x F x C	96	214,5	ns	96	0,0281	**	96	0,1909
A x F x T	8	96,3	ns	8	0,0222	ns	8	0,0517
A x F x (C vs T)	1	248,2	ns	1	0,0078	ns		0,0292
A x L x G	-	-	-	-	-	-	-	-
A x L x F	-	-	-	-	-	-	-	-
A x L x F x G	-	-	-	-	-	-	-	-
Resíduo	5139	221,0		5142	0,0184		5126	0,0543
CV%	15,87			6,98			14,97	

Tabela 17 – Resumo da análise de variância conjunta de cruzamentos de soja para os caracteres altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC) e valor agrônômico (VA), Piracicaba, 2010 a 2014.

(conclusão)							
CONJUNTA	APM			VA		AC	
	Média ¹	93,7		1,94		1,56	
	C	93,5	b	1,94	b	1,55	a
	T	95,2	a	1,96	a	1,57	a
	2011/12	99,9	a	1,89	c	1,67	a
	2012/13	95,1	b	2,00	a	1,56	b
	2013/14	89,3	c	1,92	b	1,51	c
	FAS	92,6	b	3,27	a	1,97	a
	DFC	94,8	a	3,29	a	1,88	b
	TRF	2,33		0,59		-4,88	
	Anhumas						
	Areão	92,3	a	3,21	b	1,80	b
	ESALQ	94,1	a	3,30	a	1,96	a

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade

Tabela 18 – Resumo das análises de variância conjunta de cruzamentos de soja para os caracteres nota de ferrugem 1 (NF1), nota de ferrugem 2 (NF2) e nota de ferrugem 3 (NF3), Piracicaba, 2010 a 2014.

	FONTE DE VARIAÇÃO	NF1			NF2			NF3	
		GL	QM		GL	QM		GL	QM
CONJUNTA	Anos (A)	1	18,1969	**	1	25,2465	**	1	5,6940
	Locais (L)	1	109,3435	**	1	32,4782	**	1	0,5289
	Repetições	1	3,7231	**	1	1,0002	**	1	0,0098
	Conjunto/Rep	22	0,5694	**	22	0,0922	**	22	0,1369
	Genótipos (G)	52	0,9458	**	52	0,1955	**	52	0,3338
	Cruzamentos (C)	48	0,7019	**	48	0,0821	**	48	0,2141
	Testemunhas (T)	4	2,5723	**	4	0,2541	**	4	0,4613
	C vs T	1	5,2000	**	1	5,2057	**	1	5,2340
	A x G	53	0,5794	**	53	0,0724	**	53	0,1071
	A x C	48	0,5616	**	48	0,0778	**	48	0,1075
	A x T	4	0,5789	*	4	0,0262	ns	4	0,0447
	A x (C vs T)	1	1,4352	ns	1	0,0001	ns	1	0,3394
	L x G	53	1,0139	**	53	0,0501	ns	53	0,1087
	L x C	48	1,0693	**	48	0,0507	ns	48	0,1155
	L x T	4	0,5964	*	4	0,0506	ns	4	0,0540
	L x (C vs T)	1	0,0232	ns	1	0,0170	ns	1	0,0000
	Resíduo	2035	0,2376		2033	0,0416		1926	0,0594
	CV%	33,61			14,41			15,08	
	Média ¹	1,45			1,42			1,62	
	C	1,46	a		1,42	A		1,62	a
	T	1,37	b		1,38	B		1,55	b
	2012/13	1,51	a		1,69	A		1,76	a
	2013/14	1,39	b		1,14	B		1,45	b
	Areão	1,71	a		1,45	A		1,66	a
	ESALQ	1,36	b		1,31	B		1,48	b

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade

Tabela 19 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para produtividade de grãos (PG), soja, Piracicaba-SP, 2010 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{2:4}			F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2010			2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	942	2612126	*	494	342156	*	858	478130	*	249	1024779	*
Cruz. 1	19	2182318	*	9	58474	ns	18	385506	*	4	844996	*
Cruz. 2	17	1033233	*	9	88854	ns	18	266412	ns	4	890343	*
Cruz. 3	19	962985	ns	9	24338	ns	17	155419	ns	4	903491	*
Cruz. 4	19	1956797	*	9	113373	ns	16	618783	*	4	774380	*
Cruz. 5	19	766728	ns	9	202865	*	17	187686	ns	4	671543	ns
Cruz. 6	19	623616	ns	9	169281	*	16	367235	*	4	705137	ns
Cruz. 7	18	1143601	*	9	135453	ns	18	567213	*	4	223633	ns
Cruz. 8	19	927257	ns	9	90996	ns	16	466826	*	4	1000368	*
Cruz. 9	19	1927338	*	9	192675	*	17	579158	*	4	495943	ns
Cruz. 10	19	1203131	*	9	125381	ns	18	281316	ns	4	469619	ns
Cruz. 11	18	1416279	*	9	71861	ns	17	217732	ns	4	1180364	*
Cruz. 12	19	1997502	*	9	329222	*	14	330451	*	4	1611458	*
Cruz. 13	19	1216015	*	9	309617	*	17	315308	*	4	1014912	*
Cruz. 14	16	1401988	*	9	229232	*	17	350309	*	4	487056	ns
Cruz. 15	19	1405754	*	9	188515	*	18	738964	*	4	875220	*
Cruz. 16	18	943567	ns	9	100921	ns	16	445556	*	4	1005429	*
Cruz. 17	18	2635689	*	9	203330	*	19	99493	ns	4	1575280	*
Cruz. 18	19	1192365	*	9	62236	ns	16	731760	*	4	1400255	*
Cruz. 19	18	1374198	*	9	133230	ns	14	223938	ns	4	275713	ns
Cruz. 20	19	895116	ns	9	161584	*	17	415779	*	4	899975	*
Cruz. 21	19	1370650	*	9	617270	*	18	242392	ns	4	118084	ns
Cruz. 22	17	1150114	*	9	266728	*	16	166844	ns	4	289826	ns
Cruz. 23	17	1895273	*	9	143123	*	19	85947	ns	4	647755	ns
Cruz. 24	19	563723	ns	9	197000	*	18	330638	*	4	858305	*
Cruz. 25	16	873898	ns	9	214197	*	17	273362	ns	4	315126	ns

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 19 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para produtividade de grãos (PG), soja, Piracicaba-SP, 2010 a 2014.

(conclusão)

	F _{2:4}			F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2010			2011			2012			2013		
FONTE DE VARIACÃO	GL	QM		GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	16	1586369	*	9	250645	*	18	296637	ns	4	295468	ns
Cruz. 27	18	1822403	*	9	391911	*	17	289119	ns	4	2279257	*
Cruz. 28	19	903721	ns	9	103889	ns	16	409246	*	4	489037	ns
Cruz. 29	18	2171000	**	9	432582	*	15	960683	*	4	924040	*
Cruz. 30	19	1282450	*	9	159528	*	18	307136	ns	4	1830754	*
Cruz. 31	18	1873916	*	9	150383	*	17	122841	ns	4	844614	*
Cruz. 32	16	2657418	*	9	106127	ns	10	218018	ns	4	181216	ns
Cruz. 33	18	468554	ns	9	340781	*	8	674841	*	4	555388	ns
Cruz. 34	17	770049	ns	9	326956	*	13	223289	ns	4	1931844	*
Cruz. 35	19	2356296	*	9	355503	*	15	503476	*	4	913162	*
Cruz. 36	18	1540735	*	9	80422	ns	17	611638	*	4	345996	ns
Cruz. 37	18	1380037	*	9	92686	ns	18	480061	*	4	1122317	*
Cruz. 38	18	2213852	*	9	253194	*	15	195942	ns	4	231834	ns
Cruz. 39	19	1109239	*	9	255023	*	16	232883	ns	4	958907	*
Cruz. 40	19	1385704	*	9	152725	ns	16	806971	*	4	469853	ns
Cruz. 41	19	2081214	*	9	115255	ns	16	377025	*	4	727061	ns
Cruz. 42	18	1042064	*	9	377130	*	16	338264	*	4	302992	ns
Cruz. 43	18	1083091	*	9	145237	ns	19	390708	*	4	208305	ns
Cruz. 44	17	2141941	*	9	162666	*	17	519911	*	4	543219	ns
Cruz. 45	18	1149243	*	9	77847	ns	17	292682	ns	4	144708	ns
Cruz. 46	19	1139729	*	9	131414	ns	16	364821	*	4	1247332	*
Cruz. 47	17	1138300	*	9	60275	ns	15	357129	*	4	1542857	*
Cruz. 48	19	1678355	*	9	156425	ns	17	65154	ns	4	450944	ns
Cruz. 49	17	2058562	*	9	265838	*	19	241161	ns	4	844347	*
Resíduo médio	1244	476826		533	63770		1341	123290		1946	264760	
Dentro da T01	48	1165716	*	6	263850	*	16	421030	ns	6	275506	ns
Dentro da T02	48	936325	ns	6	76050.1	ns	16	341635	ns	6	316219	ns
Dentro da T03	48	1163821	ns	6	210213	*	16	922432	*	6	633885	*
Dentro da T04	48	410180	ns	6	256558	*	16	796326	*	6	78205.5	ns
Dentro da T05				6	165298	ns	16	323196	ns	6	140238	ns
QM Test. Médio	694011			194394			560924			288811		

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 20 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para peso de cem sementes (PCS), soja, Piracicaba-SP, 2010 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{2:4}			F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2010			2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	982	12,41	*	494	11,61	*	858	13,83	*	249	19,46	*
Cruz. 1	19	5,79	*	9	0,96	ns	18	9,95	*	4	36,36	*
Cruz. 2	19	5,46	*	9	1,44	ns	18	3,33	ns	4	5,92	ns
Cruz. 3	19	6,42	*	9	3,44	*	17	4,38	*	4	5,73	ns
Cruz. 4	19	10,59	*	9	3,08	*	16	1,23	ns	4	12,61	*
Cruz. 5	19	5,56	*	9	2,22	ns	17	4,43	*	4	4,43	ns
Cruz. 6	19	7,52	*	9	2,98	*	16	2,19	ns	4	2,89	ns
Cruz. 7	19	7,01	*	9	4,59	*	18	5,93	*	4	2,69	ns
Cruz. 8	19	2,89	ns	9	1,45	ns	16	7,56	*	4	8,97	*
Cruz. 9	19	4,13	ns	9	0,72	ns	17	1,70	ns	4	20,41	*
Cruz. 10	19	4,87	*	9	2,28	ns	18	1,26	ns	4	16,54	*
Cruz. 11	19	6,77	*	9	6,66	*	17	11,42	*	4	7,98	*
Cruz. 12	19	5,05	*	9	1,30	ns	14	5,03	*	4	27,90	*
Cruz. 13	19	6,59	*	9	1,67	ns	17	2,82	ns	4	7,04	*
Cruz. 14	19	11,45	*	9	4,73	*	17	5,57	*	4	3,90	ns
Cruz. 15	19	5,67	*	9	2,96	*	18	10,14	*	4	2,16	ns
Cruz. 16	19	3,83	ns	9	0,95	ns	16	3,87	ns	4	20,81	*
Cruz. 17	19	6,76	*	9	0,98	ns	19	2,39	ns	4	6,42	ns
Cruz. 18	19	4,82	*	9	1,44	ns	16	2,29	ns	4	6,63	ns
Cruz. 19	19	9,25	*	9	7,84	*	14	12,93	*	4	25,59	*
Cruz. 20	19	5,56	*	9	3,09	*	17	10,46	*	4	19,45	*
Cruz. 21	19	5,80	*	9	3,54	*	18	8,17	*	4	21,30	*
Cruz. 22	19	4,44	ns	9	1,55	ns	16	2,44	ns	4	5,18	ns
Cruz. 23	19	3,29	ns	9	0,69	ns	19	3,93	ns	4	7,03	ns
Cruz. 24	19	7,59	*	9	2,75	*	18	4,94	*	4	14,68	*
Cruz. 25	19	6,80	*	9	2,64	*	17	5,78	*	4	8,58	*

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 20 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:7}$ para peso de cem sementes (PCS), soja, Piracicaba-SP, 2010 a 2014.

FONTE DE VARIACÃO	(conclusão)							
	$F_{2:4}$		$F_{2:5}$		$F_{5:6}$		$F_{5:7}$	
	2010		2011		2012		2013	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Cruz. 26	19	4,71 *	9	0,87 ns	18	2,00 ns	4	4,19 ns
Cruz. 27	19	8,05 *	9	4,10 *	17	4,87 *	4	24,38 *
Cruz. 28	19	5,42 *	9	8,13 *	16	6,68 *	4	5,41 ns
Cruz. 29	19	15,72 *	9	24,77 *	15	37,51 *	4	56,01 *
Cruz. 30	19	4,58 *	9	5,74 *	18	12,09 *	4	37,61 *
Cruz. 31	19	8,64 *	9	0,61 ns	17	0,60 ns	4	1,55 ns
Cruz. 32	19	9,08 *	9	2,97 *	10	24,17 *	4	0,32 ns
Cruz. 33	19	4,64 *	9	5,70 *	8	40,08 *	4	12,31 *
Cruz. 34	19	8,42 *	9	11,97 *	13	17,52 *	4	23,25 *
Cruz. 35	19	14,76 *	9	17,74 *	15	32,07 *	4	21,90 *
Cruz. 36	19	5,65 *	9	5,81 *	17	4,68 *	4	10,74 *
Cruz. 37	19	2,19 ns	9	2,74 *	18	4,03 ns	4	11,83 *
Cruz. 38	19	9,34 *	9	8,03 *	15	8,70 **	4	8,95 *
Cruz. 39	19	3,06 ns	9	1,65 ns	16	3,74 ns	4	3,71 ns
Cruz. 40	19	3,15 ns	9	2,37 ns	16	7,25 *	4	2,36 ns
Cruz. 41	19	5,95 *	9	6,10 *	16	3,79 ns	4	19,41 *
Cruz. 42	19	4,90 *	9	2,04 ns	16	3,55 ns	4	1,65 ns
Cruz. 43	19	3,64 ns	9	2,88 *	19	4,27 ns	4	8,77 *
Cruz. 44	19	6,39 *	9	6,52 *	17	6,39 *	4	2,37 ns
Cruz. 45	19	2,39 ns	9	1,65 ns	17	3,77 ns	4	0,39 ns
Cruz. 46	19	4,96 *	9	8,07 *	16	5,27 *	4	20,53 *
Cruz. 47	19	4,66 *	9	0,99 ns	15	2,34 ns	4	4,80 ns
Cruz. 48	19	1,15 ns	9	0,81 ns	17	2,10 ns	4	8,97 *
Cruz. 49	19	5,79 *	9	3,01 *	19	4,04 ns	4	3,03 *
Resíduo médio	1345	2,05	553	1,37	1341	2,56	1961	4,05
Dentro da T01	48	2,25 ns	6	1,21 ns	16	1,34 ns	6	2,16 ns
Dentro da T02	48	2,97 ns	6	3,04 ns	16	1,19 ns	6	3,20 **
Dentro da T03	48	2,64 ns	6	0,89 ns	16	2,33 ns	6	1,47 ns
Dentro da T04	48	2,45 ns	6	2,88 ns	16	1,14 ns	6	1,96 ns
Dentro da T05			6	2,55 ns	16	0,88 ns	6	0,49 ns
QM Test. Médio		2,58		2,11		1,38		1,86

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 21 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para número de dias para maturidade (NDM), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	494	108,56	*	858	136,47	*	249	572,63	*
Cruz. 1	9	14,49	*	18	31,80	ns	4	195,33	*
Cruz. 2	9	24,56	*	18	60,02	*	4	300,10	*
Cruz. 3	9	28,98	*	17	89,82	*	4	394,89	*
Cruz. 4	9	43,56	*	16	55,31	*	4	213,04	*
Cruz. 5	9	16,11	*	17	33,65	ns	4	13,17	ns
Cruz. 6	9	2,56	ns	16	14,24	ns	4	71,22	ns
Cruz. 7	9	27,78	*	18	79,50	*	4	337,74	*
Cruz. 8	9	20,40	*	16	64,67	*	4	196,39	*
Cruz. 9	9	59,91	*	17	79,33	*	4	407,97	*
Cruz. 10	9	108,67	*	18	159,51	*	4	1104,28	*
Cruz. 11	9	15,89	*	17	21,90	ns	4	138,48	ns
Cruz. 12	9	5,13	ns	14	28,34	ns	4	20,71	ns
Cruz. 13	9	4,58	ns	17	17,31	ns	4	203,01	*
Cruz. 14	9	9,16	*	17	47,38	*	4	144,54	ns
Cruz. 15	9	9,78	*	18	37,79	*	4	320,83	*
Cruz. 16	9	5,02	ns	16	17,11	ns	4	21,79	ns
Cruz. 17	9	98,61	*	19	145,02	*	4	869,80	*
Cruz. 18	9	17,02	*	16	51,05	*	4	88,90	ns
Cruz. 19	9	22,94	*	14	65,14	*	4	138,25	ns
Cruz. 20	9	5,34	ns	17	21,54	ns	4	369,97	*
Cruz. 21	9	21,11	*	18	70,62	*	4	170,69	ns
Cruz. 22	9	9,24	*	16	87,30	*	4	212,84	*
Cruz. 23	9	7,89	ns	19	25,29	ns	4	175,79	ns
Cruz. 24	9	33,58	*	18	41,88	*	4	64,53	ns
Cruz. 25	9	55,05	*	17	51,43	*	4	265,10	*

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 21 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:6}$ para número de dias para maturidade (NDM), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	$F_{2:5}$			$F_{5:6}$			$F_{5:7}$		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	9	87,01	*	18	114,11	*	4	337,01	*
Cruz. 27	9	6,47	ns	17	63,52	*	4	375,24	*
Cruz. 28	9	55,24	*	16	165,57	*	4	5,66	ns
Cruz. 29	9	153,49	*	15	109,20	*	4	731,38	*
Cruz. 30	9	125,47	*	18	33,21	ns	4	659,30	*
Cruz. 31	9	6,36	ns	17	11,05	ns	4	75,54	ns
Cruz. 32	9	10,42	*	10	11,53	ns	4	0,84	ns
Cruz. 33	9	72,12	*	8	176,11	*	4	541,92	*
Cruz. 34	9	79,47	*	13	109,78	*	4	651,07	*
Cruz. 35	9	140,94	*	15	142,35	*	4	560,52	*
Cruz. 36	9	2,02	ns	17	66,92	*	4	424,04	*
Cruz. 37	9	14,24	*	18	39,98	*	4	165,02	ns
Cruz. 38	9	21,24	*	15	46,50	*	4	40,46	ns
Cruz. 39	9	39,20	*	16	80,19	*	4	531,01	*
Cruz. 40	9	32,69	*	16	50,40	*	4	24,96	ns
Cruz. 41	9	41,76	*	16	40,07	*	4	236,39	*
Cruz. 42	9	4,20	ns	16	37,46	*	4	69,41	ns
Cruz. 43	9	4,56	ns	19	33,73	ns	4	43,97	ns
Cruz. 44	9	13,45	*	17	81,27	*	4	499,97	*
Cruz. 45	9	0,49	ns	17	2,40	ns	4	3,33	ns
Cruz. 46	9	38,09	*	16	45,68	*	4	265,54	*
Cruz. 47	9	10,83	*	15	25,79	ns	4	17,17	ns
Cruz. 48	9	5,31	ns	17	18,62	ns	4	36,81	ns
Cruz. 49	9	26,38	*	19	94,00	*	4	337,63	*
Resíduo médio	552	11,28		1350	20,38		1823	88,94	
Dentro da T01	6	0,79	ns	16	3,99	ns	6	1,89	ns
Dentro da T02	6	2,65	ns	16	2,68	ns	6	5,45	ns
Dentro da T03	6	0,62	ns	16	1,09	ns	6	4,30	ns
Dentro da T04	6	45,29	*	16	9,75	ns	6	5,14	ns
Dentro da T05	6	34,29	*	16	1,62	ns	6	1,48	ns
QM Test. Médio		16,73			3,83			3,65	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 22 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:6}$ para altura da planta na maturidade (APM), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	$F_{2:5}$			$F_{5:6}$			$F_{5:7}$		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	494	603,26	*	858	1010,47	*	249	2385,63	*
Cruz. 1	9	83,89	ns	18	221,53	ns	4	670,31	*
Cruz. 2	9	180,56	*	18	214,27	ns	4	172,55	ns
Cruz. 3	9	262,36	*	17	168,20	ns	4	483,78	ns
Cruz. 4	9	452,92	*	16	625,16	*	4	1427,33	*
Cruz. 5	9	75,14	ns	17	121,50	ns	4	414,41	ns
Cruz. 6	9	570,14	*	16	663,90	*	4	715,00	*
Cruz. 7	9	62,36	ns	18	1039,76	*	4	916,25	*
Cruz. 8	9	114,44	*	16	338,71	*	4	29,69	ns
Cruz. 9	9	181,81	*	17	462,65	*	4	102,50	ns
Cruz. 10	9	303,47	*	18	279,20	ns	4	618,13	ns
Cruz. 11	9	214,44	*	17	1012,35	*	4	1053,75	*
Cruz. 12	9	92,22	ns	14	435,53	*	4	3394,38	*
Cruz. 13	9	181,11	*	17	282,21	*	4	1883,44	*
Cruz. 14	9	206,25	*	17	599,89	*	4	1621,88	*
Cruz. 15	9	262,36	*	18	937,01	*	4	284,82	ns
Cruz. 16	9	109,03	*	16	865,00	*	4	2275,63	*
Cruz. 17	9	305,56	*	19	106,16	ns	4	361,56	ns
Cruz. 18	9	577,92	*	16	1333,98	*	4	2250,94	*
Cruz. 19	9	50,56	ns	14	399,11	*	4	1111,88	*
Cruz. 20	9	197,36	*	17	475,23	*	4	625,63	*
Cruz. 21	9	277,78	*	18	563,61	*	4	2103,75	*
Cruz. 22	9	50,00	ns	16	338,03	*	4	395,77	ns
Cruz. 23	9	195,69	*	19	635,39	*	4	974,06	*
Cruz. 24	9	67,22	ns	18	224,09	ns	4	223,44	ns
Cruz. 25	9	214,44	*	17	651,25	*	4	1863,44	*

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 22 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:6}$ para altura da planta na maturidade (APM), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	$F_{2:5}$			$F_{5:6}$			$F_{5:7}$		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	9	186,25 *		18	263,37 ns		4	532,81 ns	
Cruz. 27	9	501,25 *		17	773,32 *		4	3395,94 *	
Cruz. 28	9	388,89 *		16	365,45 *		4	1191,56 *	
Cruz. 29	9	743,89 *		15	1186,89 *		4	707,51 *	
Cruz. 30	9	422,22 *		18	453,21 *		4	2124,06 *	
Cruz. 31	9	399,44 *		17	596,64 *		4	3781,60 *	
Cruz. 32	9	80,56 ns		10	22,91 ns		4	57,19 ns	
Cruz. 33	9	236,11 *		8	728,28 *		4	1456,45 *	
Cruz. 34	9	434,03 *		13	408,85 *		4	1561,84 *	
Cruz. 35	9	324,44 *		15	432,41 *		4	1345,94 *	
Cruz. 36	9	106,25 *		17	551,31 *		4	555,31 ns	
Cruz. 37	9	85,56 ns		18	257,43 ns		4	1392,81 *	
Cruz. 38	9	114,44 *		15	200,21 ns		4	704,06 *	
Cruz. 39	9	329,03 *		16	395,33 *		4	2539,69 *	
Cruz. 40	9	181,25 *		16	254,24 *		4	738,13 *	
Cruz. 41	9	147,36 *		16	978,68 *		4	1118,75 *	
Cruz. 42	9	93,89 ns		16	183,69 ns		4	93,13 ns	
Cruz. 43	9	186,67 *		19	355,14 *		4	260,00 ns	
Cruz. 44	9	91,81 ns		17	508,95 *		4	599,06 ns	
Cruz. 45	9	53,61 ns		17	61,41 ns		4	19,69 ns	
Cruz. 46	9	166,81 *		16	348,33 *		4	1533,75 *	
Cruz. 47	9	158,89 *		15	126,27 ns		4	426,56 ns	
Cruz. 48	9	211,11 *		17	151,96 ns		4	346,25 ns	
Cruz. 49	9	135,56 *		19	477,57 *		4	1538,44 *	
Resíduo médio	554	75,29		1350	156,98		1975	367,31	
Dentro da T01	6	86,90 ns		16	70,13 ns		6	97,32 ns	
Dentro da T02	6	28,57 ns		16	92,00 ns		6	84,08 ns	
Dentro da T03	6	16,67 ns		16	99,17 ns		6	211,31 ns	
Dentro da T04	6	403,57 *		16	96,69 ns		6	43,60 ns	
Dentro da T05		89,29 ns		16	45,40 ns		6	42,11 ns	
QM Test. Médio		125,00			80,68			95,68	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 23 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para acamamento (AC), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	494	0,10	*	858	0,14	*	249	0,31	*
Cruz. 1	9	0,02	ns	18	0,05	ns	4	0,03	ns
Cruz. 2	9	0,04	ns	18	0,04	ns	4	0,02	ns
Cruz. 3	9	0,04	ns	17	0,04	ns	4	0,03	ns
Cruz. 4	9	0,05	ns	16	0,10	ns	4	0,42	**
Cruz. 5	9	0,04	ns	17	0,07	*	4	0,11	ns
Cruz. 6	9	0,04	ns	16	0,06	ns	4	0,05	ns
Cruz. 7	9	0,11	ns	18	0,19	**	4	0,20	**
Cruz. 8	9	0,05	ns	16	0,06	ns	4	0,03	ns
Cruz. 9	9	0,04	ns	17	0,04	ns	4	0,11	*
Cruz. 10	9	0,02	ns	18	0,06	ns	4	0,06	ns
Cruz. 11	9	0,09	*	17	0,10	*	4	0,10	ns
Cruz. 12	9	0,07	*	14	0,03	ns	4	0,11	ns
Cruz. 13	9	0,04	ns	17	0,08	ns	4	0,15	ns
Cruz. 14	9	0,04	ns	17	0,17	*	4	0,44	**
Cruz. 15	9	0,05	*	18	0,07	*	4	0,08	ns
Cruz. 16	9	0,04	ns	16	0,03	*	4	0,37	**
Cruz. 17	9	0,04	ns	19	0,06	ns	4	0,06	ns
Cruz. 18	9	0,02	ns	16	0,10	ns	4	0,02	ns
Cruz. 19	9	0,03	ns	14	0,16	**	4	0,27	**
Cruz. 20	9	0,05	ns	17	0,05	ns	4	0,41	**
Cruz. 21	9	0,06	ns	18	0,06	ns	4	0,09	ns
Cruz. 22	9	0,03	ns	16	0,06	ns	4	0,22	ns
Cruz. 23	9	0,03	ns	19	0,05	ns	4	0,02	ns
Cruz. 24	9	0,03	ns	18	0,06	ns	4	0,16	ns
Cruz. 25	9	0,02	ns	17	0,05	ns	4	0,06	ns

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 23 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:6}$ para acamamento (AC), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	$F_{2:5}$			$F_{5:6}$			$F_{5:7}$		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	9	0,04	ns	18	0,06	ns	4	0,07	ns
Cruz. 27	9	0,01	ns	17	0,07	ns	4	0,03	ns
Cruz. 28	9	0,03	ns	16	0,13	*	4	0,27	*
Cruz. 29	9	0,09	*	15	0,08	*	4	0,04	ns
Cruz. 30	9	0,04	ns	18	0,01	ns	4	0,21	*
Cruz. 31	9	0,07	ns	17	0,09	*	4	0,09	ns
Cruz. 32	9	0,05	ns	10	0,11	*	4	0,02	ns
Cruz. 33	9	0,02	ns	8	0,23	*	4	0,20	*
Cruz. 34	9	0,05	ns	13	0,10	*	4	0,23	*
Cruz. 35	9	0,07	*	15	0,07	ns	4	0,06	ns
Cruz. 36	9	0,04	ns	17	0,09	*	4	0,07	ns
Cruz. 37	9	0,03	ns	18	0,06	ns	4	0,15	*
Cruz. 38	9	0,06	*	15	0,06	ns	4	0,12	*
Cruz. 39	9	0,01	ns	16	0,09	*	4	0,10	*
Cruz. 40	9	0,04	ns	16	0,07	ns	4	0,38	*
Cruz. 41	9	0,04	ns	16	0,09	*	4	0,22	*
Cruz. 42	9	0,04	ns	16	0,06	ns	4	0,20	*
Cruz. 43	9	0,04	ns	19	0,08	*	4	0,05	ns
Cruz. 44	9	0,03	ns	17	0,05	ns	4	0,11	*
Cruz. 45	9	0,03	ns	17	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 46	9	0,01	ns	16	0,05	ns	4	0,28	*
Cruz. 47	9	0,02	ns	15	0,06	ns	4	0,05	ns
Cruz. 48	9	0,06	*	17	0,04	ns	4	0,01	ns
Cruz. 49	9	0,12	*	19	0,20	*	4	0,35	*
Resíduo médio	554	0,03		1350	0,04		1975	0,05	
Dentro da T01	6	0,04	ns	16	0,04	ns	6	0,01	ns
Dentro da T02	6	0,03	ns	16	0,03	ns	6	0,03	ns
Dentro da T03	6	0,05	ns	16	0,03	ns	6	0,02	ns
Dentro da T04	6	0,04	ns	16	0,05	ns	6	0,06	ns
Dentro da T05	6	0,06	*	16	0,02	ns	6	0,02	ns
QM Test. Médio		0,04			0,04			0,03	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 24 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{5:6}$ para valor agrônômico (VA), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	$F_{2:5}$			$F_{5:6}$			$F_{5:7}$		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	494	0,05	*	858	0,04	*	249	0,11	*
Cruz. 1	9	0,01	ns	18	0,01	ns	4	0,01	ns
Cruz. 2	9	0,02	*	18	0,01	ns	4	0,01	ns
Cruz. 3	9	0,02	*	17	0,01	ns	4	0,04	ns
Cruz. 4	9	0,03	*	16	0,02	*	4	0,23	*
Cruz. 5	9	0,00	ns	17	0,02	*	4	0,10	*
Cruz. 6	9	0,01	ns	16	0,01	ns	4	0,05	ns
Cruz. 7	9	0,01	ns	18	0,05	*	4	0,07	*
Cruz. 8	9	0,02	*	16	0,02	*	4	0,05	ns
Cruz. 9	9	0,05	*	17	0,02	*	4	0,02	ns
Cruz. 10	9	0,05	*	18	0,02	*	4	0,05	ns
Cruz. 11	9	0,01	ns	17	0,03	*	4	0,13	*
Cruz. 12	9	0,01	ns	14	0,01	ns	4	0,04	ns
Cruz. 13	9	0,01	ns	17	0,00	ns	4	0,07	*
Cruz. 14	9	0,01	ns	17	0,02	*	4	0,06	*
Cruz. 15	9	0,00	ns	18	0,05	*	4	0,05	ns
Cruz. 16	9	0,01	ns	16	0,09	*	4	0,01	ns
Cruz. 17	9	0,02	*	19	0,01	ns	4	0,02	ns
Cruz. 18	9	0,01	ns	16	0,01	ns	4	0,04	ns
Cruz. 19	9	0,02	*	14	0,03	*	4	0,02	ns
Cruz. 20	9	0,01	ns	17	0,01	ns	4	0,07	*
Cruz. 21	9	0,01	ns	18	0,02	*	4	0,12	*
Cruz. 22	9	0,01	ns	16	0,00	ns	4	0,02	ns
Cruz. 23	9	0,01	ns	19	0,01	ns	4	0,03	ns
Cruz. 24	9	0,02	*	18	0,01	ns	4	0,02	ns
Cruz. 25	9	0,00	ns	17	0,02	*	4	0,04	ns

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 24 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{2:4}, F_{2:5} e F_{5:6} para valor agrônômico (VA), soja, Piracicaba-SP, 2011 a 2014.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	F _{2:5}			F _{5:6}			F _{5:7}		
	2011			2012			2013		
	GL	QM		GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	9	0,02	*	18	0,01	ns	4	0,03	ns
Cruz. 27	9	0,00	ns	17	0,01	ns	4	0,04	ns
Cruz. 28	9	0,01	ns	16	0,02	*	4	0,02	ns
Cruz. 29	9	0,04	*	15	0,06	*	4	0,04	ns
Cruz. 30	9	0,05	*	18	0,10	*	4	0,27	*
Cruz. 31	9	0,01	ns	17	0,01	ns	4	0,07	*
Cruz. 32	9	0,01	ns	10	0,03	*	4	0,01	ns
Cruz. 33	9	0,02	*	8	0,03	*	4	0,05	ns
Cruz. 34	9	0,03	*	13	0,02	*	4	0,04	ns
Cruz. 35	9	0,04	*	15	0,04	*	4	0,08	*
Cruz. 36	9	0,01	ns	17	0,01	ns	4	0,05	ns
Cruz. 37	9	0,00	ns	18	0,01	ns	4	0,08	*
Cruz. 38	9	0,02	*	15	0,01	ns	4	0,17	*
Cruz. 39	9	0,02	*	16	0,02	*	4	0,12	*
Cruz. 40	9	0,01	ns	16	0,02	*	4	0,20	*
Cruz. 41	9	0,01	ns	16	0,01	ns	4	0,07	*
Cruz. 42	9	0,01	ns	16	0,01	ns	4	0,02	ns
Cruz. 43	9	0,00	ns	19	0,02	*	4	0,02	ns
Cruz. 44	9	0,00	ns	17	0,02	*	4	0,03	ns
Cruz. 45	9	0,00	ns	17	0,01	ns	4	0,02	ns
Cruz. 46	9	0,01	ns	16	0,01	ns	4	0,13	*
Cruz. 47	9	0,01	ns	15	0,01	ns	4	0,09	*
Cruz. 48	9	0,01	ns	17	0,01	ns	4	0,09	*
Cruz. 49	9	0,03	*	19	0,02	*	4	0,11	*
Resíduo médio	554	0,01		1350	0,01		1975	0,03	
Dentro da T01	6	0,01	ns	16	0,01	ns	6	0,02	ns
Dentro da T02	6	0,00	ns	16	0,00	ns	6	0,04	**
Dentro da T03	6	0,01	ns	16	0,01	ns	6	0,03	ns
Dentro da T04	6	0,00	ns	16	0,01	ns	6	0,01	ns
Dentro da T05	6	0,01	ns	16	0,01	ns	6	0,02	ns
QM Test. Médio		0,01			0,01			0,02	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 25 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 1 (NF1), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013.

(continua)

FONTE DE VARIAÇÃO	F _{5:6}			F _{5:7}		
	2012			2013		
	GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	851	0,05	*	249	0,1533	*
Cruz. 1	17	0,04	ns	4	0,50	ns
Cruz. 2	18	0,03	ns	4	0,70	ns
Cruz. 3	17	0,03	ns	4	2,77	*
Cruz. 4	16	0,05	*	4	0,78	*
Cruz. 5	17	0,04	ns	4	0,32	ns
Cruz. 6	16	0,02	ns	4	0,38	ns
Cruz. 7	18	0,02	ns	4	0,30	ns
Cruz. 8	16	0,06	*	4	0,38	ns
Cruz. 9	17	0,02	ns	4	0,30	ns
Cruz. 10	18	0,02	ns	4	0,48	ns
Cruz. 11	17	0,04	ns	4	0,59	ns
Cruz. 12	14	0,05	*	4	2,18	*
Cruz. 13	17	0,01	ns	4	1,18	*
Cruz. 14	17	0,04	ns	4	0,40	ns
Cruz. 15	18	0,03	ns	4	0,13	ns
Cruz. 16	16	0,03	ns	4	0,93	*
Cruz. 17	19	0,02	ns	4	0,09	ns
Cruz. 18	16	0,03	ns	4	0,43	ns
Cruz. 19	14	0,02	ns	4	0,18	ns
Cruz. 20	17	0,05	*	4	0,63	ns
Cruz. 21	18	0,02	ns	4	0,00	ns
Cruz. 22	16	0,02	ns	4	1,65	*
Cruz. 23	19	0,04	ns	4	0,83	*
Cruz. 24	18	0,03	ns	4	0,58	ns
Cruz. 25	17	0,04	ns	4	0,17	ns

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 25 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 1 (NF1), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	F _{5:6}			F _{2:5}		
	2012			2011		
	GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	18	0,03	ns	4	0,56	ns
Cruz. 27	17	0,06	*	4	0,76	*
Cruz. 28	16	0,03	ns	4	0,19	ns
Cruz. 29	14	0,05	*	4	0,84	*
Cruz. 30	17	0,03	ns	4	1,01	*
Cruz. 31	17	0,02	ns	4	0,19	ns
Cruz. 32	10	0,01	ns	4	0,17	ns
Cruz. 33	8	0,06	*	4	0,09	ns
Cruz. 34	13	0,06	*	4	0,86	*
Cruz. 35	13	0,03	ns	4	0,19	ns
Cruz. 36	17	0,03	ns	4	0,72	ns
Cruz. 37	18	0,04	ns	4	0,86	*
Cruz. 38	15	0,03	ns	4	1,18	*
Cruz. 39	16	0,02	ns	4	0,74	ns
Cruz. 40	16	0,05	*	4	0,33	ns
Cruz. 41	16	0,02	ns	4	0,05	ns
Cruz. 42	16	0,05	*	4	0,22	ns
Cruz. 43	19	0,04	ns	4	0,43	ns
Cruz. 44	15	0,03	ns	4	0,36	ns
Cruz. 45	17	0,02	ns	4	1,18	*
Cruz. 46	16	0,05	*	4	0,61	ns
Cruz. 47	15	0,04	ns	4	0,20	ns
Cruz. 48	17	0,04	ns	4	0,13	ns
Cruz. 49	19	0,05	*	4	0,08	ns
Resíduo médio	253	0,03		756	0,20	
Dentro da T01	16	0,06	*	6	0,05	ns
Dentro da T02	16	0,03	ns	6	0,06	ns
Dentro da T03	16	0,05	*	6	0,04	ns
Dentro da T04	16	0,04	ns	6	0,06	ns
Dentro da T05	16	0,02	ns	6	0,05	ns
QM Test. Médio		0,04			0,05	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 26 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 2 (NF2), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{5:6}			F _{5:7}		
	2012			2013		
	GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	851	0,04	ns	249	0,71	ns
Cruz. 1	17	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 2	18	0,05	*	4	0,02	ns
Cruz. 3	17	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 4	16	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 5	17	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 6	16	0,03	ns	4	0,03	ns
Cruz. 7	18	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 8	16	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 9	17	0,01	ns	4	0,01	ns
Cruz. 10	18	0,01	ns	4	0,04	*
Cruz. 11	17	0,04	*	4	0,01	ns
Cruz. 12	14	0,02	ns	4	0,06	*
Cruz. 13	17	0,02	ns	4	0,02	ns
Cruz. 14	17	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 15	18	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 16	16	0,01	ns	4	0,01	ns
Cruz. 17	19	0,02	ns	4	0,01	ns
Cruz. 18	16	0,03	ns	4	0,04	*
Cruz. 19	14	0,03	ns	4	0,03	ns
Cruz. 20	17	0,03	ns	4	0,06	*
Cruz. 21	18	0,02	ns	4	0,01	ns
Cruz. 22	16	0,02	ns	4	0,06	*
Cruz. 23	19	0,03	ns	4	0,02	ns
Cruz. 24	18	0,02	ns	4	0,02	ns
Cruz. 25	17	0,02	ns	4	0,06	*

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 26– Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 2 (NF2), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	F _{5:6}			F _{5:7}		
	2012			2013		
	GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	18	0,03	ns	4	0,03	ns
Cruz. 27	17	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 28	16	0,02	ns	4	0,01	ns
Cruz. 29	14	0,05	*	4	0,02	ns
Cruz. 30	17	0,01	ns	4	0,02	ns
Cruz. 31	17	0,01	ns	4	0,01	ns
Cruz. 32	10	0,02	ns	4	0,01	ns
Cruz. 33	8	0,05	*	4	0,008	ns
Cruz. 34	13	0,05	*	4	0,013	ns
Cruz. 35	13	0,03	ns	4	0,033	ns
Cruz. 36	17	0,04	*	4	0,01	ns
Cruz. 37	18	0,02	ns	4	0,02	ns
Cruz. 38	15	0,05	*	4	0,02	ns
Cruz. 39	16	0,02	ns	4	0,05	*
Cruz. 40	16	0,06	*	4	0,01	ns
Cruz. 41	16	0,04	*	4	0,04	*
Cruz. 42	16	0,02	ns	4	0,03	ns
Cruz. 43	19	0,03	ns	4	0,01	ns
Cruz. 44	15	0,04	*	4	0,03	ns
Cruz. 45	17	0,04	*	4	0,02	ns
Cruz. 46	16	0,04	*	4	0,06	*
Cruz. 47	15	0,02	ns	4	0,06	*
Cruz. 48	17	0,05	*	4	0,01	ns
Cruz. 49	19	0,05	*	4	0,02	ns
Resíduo médio	253	0,01		756	0,02	
Dentro da T01	16	0,04	*	6	0,07	*
Dentro da T02	16	0,03	ns	6	0,06	*
Dentro da T03	16	0,03	ns	6	0,02	ns
Dentro da T04	16	0,04	*	6	0,04	*
Dentro da T05	16	0,03	ns	6	0,02	ns
QM Test. Médio		0,04			0,043	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 27 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 3 (NF3), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013.

(continua)

FONTE DE VARIACÃO	F _{5:6}			F _{5:7}		
	2012			2013		
	GL	QM		GL	QM	
Dentro de cruz.	851	0,05	*	249	0,1107	*
Cruz. 1	17	0,09	*	4	0,07	*
Cruz. 2	18	0,06	ns	4	0,26	*
Cruz. 3	17	0,05	ns	4	0,06	ns
Cruz. 4	16	0,07	*	4	0,15	*
Cruz. 5	17	0,06	ns	4	0,05	ns
Cruz. 6	16	0,04	ns	4	0,04	ns
Cruz. 7	18	0,07	**	4	0,05	ns
Cruz. 8	16	0,11	*	4	0,06	ns
Cruz. 9	17	0,04	ns	4	0,07	*
Cruz. 10	18	0,06	ns	4	0,05	ns
Cruz. 11	17	0,09	*	4	0,03	ns
Cruz. 12	14	0,07	*	4	0,03	ns
Cruz. 13	17	0,03	ns	4	0,09	*
Cruz. 14	17	0,08	*	4	0,03	ns
Cruz. 15	18	0,06	ns	4	0,04	ns
Cruz. 16	16	0,06	ns	4	0,06	ns
Cruz. 17	19	0,04	ns	4	0,05	ns
Cruz. 18	16	0,03	ns	4	0,03	ns
Cruz. 19	14	0,04	ns	4	0,06	ns
Cruz. 20	17	0,06	ns	4	0,05	ns
Cruz. 21	18	0,03	ns	4	0,08	*
Cruz. 22	16	0,04	ns	4	0,10	*
Cruz. 23	19	0,04	ns	4	0,05	ns
Cruz. 24	18	0,03	ns	4	0,06	ns
Cruz. 25	17	0,05	ns	4	0,17	*

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 27 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores das gerações F_{5:6} e F_{5:7} para nota de ferrugem 3 (NF3), soja, Piracicaba-SP, 2012 a 2013.

(conclusão)

FONTE DE VARIACÃO	F _{5:6}			F _{2:5}		
	2012			2011		
	GL	QM		GL	QM	
Cruz. 26	18	0,05	ns	4	0,01	ns
Cruz. 27	17	0,07	*	4	0,05	ns
Cruz. 28	16	0,04	ns	4	0,04	ns
Cruz. 29	14	0,07	*	4	0,13	*
Cruz. 30	17	0,06	ns	4	0,01	ns
Cruz. 31	17	0,05	ns	4	0,11	*
Cruz. 32	10	0,01	ns	4	0,04	ns
Cruz. 33	8	0,07	*	4	0,13	*
Cruz. 34	13	0,10	*	4	0,03	ns
Cruz. 35	13	0,04	ns	4	0,07	*
Cruz. 36	17	0,05	ns	4	0,02	ns
Cruz. 37	18	0,06	ns	4	0,00	ns
Cruz. 38	15	0,03	ns	4	0,15	*
Cruz. 39	16	0,03	ns	4	0,17	*
Cruz. 40	16	0,04	ns	4	0,11	*
Cruz. 41	16	0,06	ns	4	0,04	ns
Cruz. 42	16	0,05	ns	4	0,02	ns
Cruz. 43	19	0,06	ns	4	0,03	ns
Cruz. 44	15	0,04	ns	4	0,07	*
Cruz. 45	17	0,05	ns	4	0,02	ns
Cruz. 46	16	0,06	ns	4	0,10	*
Cruz. 47	15	0,04	ns	4	0,06	ns
Cruz. 48	17	0,06	ns	4	0,02	ns
Cruz. 49	19	0,07	*	4	0,03	ns
Resíduo médio	253	0,03		756	0,03	
Dentro da T01	16	0,08	*	6	0,09	*
Dentro da T02	16	0,05	ns	6	0,05	ns
Dentro da T03	16	0,08	*	6	0,10	*
Dentro da T04	16	0,05	ns	6	0,07	*
Dentro da T05	16	0,07	*	6	0,06	ns
QM Test. Médio		0,04			0,0728	

* e ns: Significativo a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 28- Resumo das médias de cruzamentos de soja para Produtividade de Grãos (PG) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em seis gerações, Piracicaba, 2008 a 2013: (continua)

		GRUPO II									
F ₂		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.
	USP 14-10-38	114	115	121	130	151	133	126	127	12	3
	USP 14-01-20	131	110	123	142	162	142	134	135	20	1
	USP 14-07-05	128	104	115	137	146	122	141	128	13	2
	USP 14-13-16	123	103	108	109	125	136	130	119	4	5
	PI 520.733	55	47	55	73	87	91	59	67	-48	7
	IAC 100	107	96	96	103	119	128	108	108	-7	6
	M-Soy 8001	122	103	124	113	135	133	121	122	7	4
	CMC	111	97	106	115	132	126	117	115		
CpG	-4	-18	-9	0	17	11	2				
Cl.	5	7	6	4	1	2	3				
		GRUPO II									
F _{2:3}		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.
	USP 14-10-38	3533	3340	3654	3420	3658	3739	3593	3562	282	3
	USP 14-01-20	3554	3134	3716	3543	4001	3810	3467	3604	323	1
	USP 14-07-05	2915	3167	3629	3124	3809	3498	3422	3366	86	5
	USP 14-13-16	3392	3106	3601	2989	3170	3425	3618	3329	48	6
	PI 520.733	1683	2289	2625	2444	1919	2284	1870	2159	-1121	7
	IAC 100	3150	3305	3308	3521	3576	3615	3159	3376	96	4
	M-Soy 8001	3369	3056	4132	2972	3866	3474	4087	3565	285	2
	CMC	3085	3057	3524	3145	3428	3406	3317	3280		
CpG	-195	-224	243	-136	148	126	36				
Cl.	6	7	1	5	2	3	4				

Tabela 28- Resumo das médias de cruzamentos de soja para Produtividade de Grãos (PG) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em seis gerações, Piracicaba, 2008 e 2013:
(continuação)

		GRUPO II										
F _{2:4}	GRUPO I		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.
		USP 14-10-38	2235	2066	2244	2223	2486	2739	2336	2333	8,46	5
		USP 14-01-20	2353	1925	2032	2160	2552	2321	2379	2246	-78,34	6
		USP 14-07-05	2311	1982	2377	2436	2564	2424	2824	2417	92,52	3
		USP 14-13-16	2212	2090	2300	2201	2519	2380	2743	2349	25,04	4
		PI 520.733	1345	1928	1996	2202	1365	1299	1514	1664	-660,19	7
		IAC 100	2575	2205	2331	2735	2534	2403	2869	2522	197,30	2
		M-Soy 8001	2435	2138	3063	3150	3133	2528	2730	2740	415,21	1
CMC		2210	2048	2335	2444	2451	2299	2485	2324			
CpG		-114,75	-276,58	10,22	119,55	126,11	-25,21	160,67				
Cl.		6	7	4	3	2	5	1				

		GRUPO II										
F _{2:5}	GRUPO I		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.
		USP 14-10-38	3316	3372	3316	3396	3945	4174	3656	3596	285,80	2
		USP 14-01-20	2796	2864	2796	3098	3441	3346	3328	3095	-215,14	6
		USP 14-07-05	3451	3329	3046	3330	3806	3855	3866	3526	215,69	3
		USP 14-13-16	3729	3245	3163	3179	3151	3420	3153	3291	-19,20	5
		PI 520.733	2573	2628	2662	2149	2481	2761	2595	2550	-760,88	7
		IAC 100	3807	3482	3538	3318	3286	3524	3274	3461	150,66	4
		M-Soy 8001	3789	3587	3490	3702	3498	3594	3916	3654	343,06	1
CMC		3352	3215	3145	3167	3373	3525	3398	3311			
CpG		40,98	-95,28	-166,00	-143,28	61,92	214,32	87,34				
Cl.		4	5	7	6	3	1	2				

Tabela 28- Resumo das médias de cruzamentos de soja para Produtividade de Grãos (PG) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em seis gerações, Piracicaba, 2008 a 2013:

		GRUPO II										
F _{5:6}		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.	
	GRUPO I	USP 14-10-38	3370	2872	2963	3091	3417	2859	3359	3133	-298,41	7
		USP 14-01-20	3975	3785	3486	3073	3865	3372	3428	3569	137,67	2
		USP 14-07-05	3106	2942	3111	3555	3920	3063	3066	3252	-179,37	6
		USP 14-13-16	3238	3976	3790	3214	3456	3439	3195	3472	41,00	4
		PI 520.733	3214	3425	3398	2998	3411	3415	3236	3299	-131,89	5
		IAC 100	3433	3131	3842	3379	3571	3559	3504	3488	56,95	3
		M-Soy 8001	3633	3495	4162	3679	3655	3720	4293	3805	374,04	1
	CMC		3424	3375	3536	3284	3614	3347	3440	3431		
	CpG		-7,17	-56,49	104,78	-147,37	182,30	-84,69	8,64			
	Cl.		4	5	2	7	1	6	3			
		GRUPO II										
F _{5:7}		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123	CMC	CpG	Cl.	
	GRUPO I	USP 14-10-38	2940	2941	2657	2368	2153	2578	3105	2677	-112,62	6
		USP 14-01-20	3105	2790	2407	2312	2756	2714	2973	2722	-67,80	5
		USP 14-07-05	2920	2874	2701	2935	2866	2635	3031	2852	61,74	2
		USP 14-13-16	2939	2906	2725	2631	2428	2800	3053	2783	-6,99	4
		PI 520.733	2958	2334	2490	2545	2534	2389	2249	2500	-290,25	7
		IAC 100	3236	2777	2508	2805	3090	2768	2588	2824	34,37	3
		M-Soy 8001	3266	2846	3517	3109	3536	2783	3145	3172	381,56	1
	CMC		3052	2781	2715	2672	2766	2667	2878	2790		
	CpG		261,79	-8,98	-75,18	-118,12	-23,89	-123,21	87,59			
	Cl.		1	3	5	6	4	7	2			

Tabela 29- Resumo das médias de cruzamentos de soja para peso de cem sementes (PCS) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em quatro gerações, Piracicaba, 2010 a 2013:

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:4}	GRUPO I	USP 14-10-38	14,95	16,04	16,40	17,50	14,04	13,04	16,82	15,54	1,22	2
		USP 14-01-20	12,29	13,33	15,13	15,13	12,23	12,47	14,74	13,62	-0,71	4
		USP 14-07-05	12,94	13,38	14,03	14,05	12,81	12,02	14,27	13,36	-0,97	5
		USP 14-13-16	13,93	14,27	15,65	14,78	13,56	13,23	15,34	14,39	0,07	3
		PI 520.733	18,46	14,43	16,13	16,41	17,11	17,72	18,01	16,90	2,57	1
		IAC 100	13,16	11,98	14,82	14,06	11,95	12,10	14,11	13,17	-1,15	7
		M-Soy 8001	12,82	14,43	13,47	13,60	12,65	11,59	14,40	13,28	-1,04	6
	CMC	14,08	13,98	15,09	15,08	13,48	13,17	15,39	14,32			
CpG	-0,24	-0,34	0,77	0,75	-0,85	-1,16	1,06					
Cl.	4	5	2	3	6	7	1					

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:5}	GRUPO I	USP 14-10-38	13,93	13,54	13,93	14,90	13,37	12,13	14,64	13,78	0,88	2
		USP 14-01-20	12,04	12,53	12,04	14,13	10,80	10,23	12,22	12,00	-0,90	6
		USP 14-07-05	13,07	12,96	13,18	12,45	11,57	9,98	11,57	12,11	-0,79	5
		USP 14-13-16	12,21	12,38	13,12	13,84	11,87	10,85	13,71	12,57	-0,33	3
		PI 520.733	17,85	14,02	12,58	13,36	16,55	17,60	17,86	15,69	2,79	1
		IAC 100	12,02	11,89	12,53	12,52	10,62	10,88	12,10	11,79	-1,11	7
		M-Soy 8001	12,22	13,67	12,19	12,61	11,19	10,92	13,72	12,36	-0,54	4
	CMC	13,33	13,00	12,80	13,40	12,28	11,80	13,69	12,90			
CpG	0,43	0,10	-0,10	0,50	-0,62	-1,10	0,79					
Cl.	3	4	5	2	6	7	1					

Tabela 29 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para peso de cem sementes (PCS) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em quatro gerações, Piracicaba, 2010 a 2013:

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:6}	GRUPO I	USP 14-10-38	17,26	17,13	18,68	17,36	16,54	15,20	17,08	17,03	0,86	2
		USP 14-01-20	15,60	16,30	16,63	17,20	14,98	14,46	15,80	15,85	-0,32	3
		USP 14-07-05	15,91	16,54	16,68	15,40	14,91	13,80	14,77	15,43	-0,75	5
		USP 14-13-16	15,75	16,51	16,45	16,22	14,50	14,29	15,75	15,64	-0,54	4
		PI 520.733	21,01	18,55	16,90	17,56	19,06	20,37	21,02	19,21	3,03	1
		IAC 100	14,99	14,72	15,89	14,93	13,83	13,81	15,43	14,80	-1,38	7
		M-Soy 8001	16,23	16,02	15,75	15,62	14,08	13,46	15,83	15,28	-0,90	6
CMC		16,68	16,54	16,71	16,33	15,41	15,06	16,53	16,18			
CpG		0,50	0,36	0,53	0,15	-0,77	-1,12	0,35				
Cl.		2	3	1	5	6	7	4				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:7}	GRUPO I	USP 14-10-38	16,63	16,18	16,69	16,78	15,68	15,41	15,81	16,17	0,65	2
		USP 14-01-20	15,97	15,87	15,87	17,21	14,27	14,39	15,63	15,60	0,09	3
		USP 14-07-05	15,57	15,46	15,50	16,10	14,49	15,89	15,64	15,52	0,01	4
		USP 14-13-16	15,17	15,29	15,74	15,21	14,55	15,09	15,88	15,28	-0,24	5
		PI 520.733	17,32	16,42	15,55	15,23	16,40	17,32	17,39	16,52	1,01	1
		IAC 100	15,84	14,19	14,87	14,02	13,21	14,47	14,13	14,39	-1,12	7
		M-Soy 8001	15,65	15,37	15,88	15,71	14,16	13,78	15,26	15,12	-0,40	6
CMC		16,02	15,54	15,73	15,75	14,68	15,20	15,68	15,51			
CpG		0,51	0,03	0,21	0,24	-0,83	-0,32	0,17				
Cl.		1	5	3	2	7	6	4				

Tabela 30 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para número de dias para maturidade (NDM) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013: (continua)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F ₂	GRUPO I										
	USP 14-10-38	140	133	136	135	136	142	139	137	2,57	3
	USP 14-01-20	141	135	135	133	136	140	140	137	2,43	5
	USP 14-07-05	140	136	136	136	137	141	142	138	3,57	1
	USP 14-13-16	140	137	137	132	134	142	140	137	2,71	2
	PI 520.733	122	119	119	121	119	123	118	120	-14,57	7
	IAC 100	139	133	133	134	133	139	137	135	0,71	6
	M-Soy 8001	136	139	136	135	135	143	137	137	2,57	3
CMC		136,86	133,14	133,14	132,29	132,86	138,57	136,14	134,71		
CpG		2,14	-1,57	-1,57	-2,43	-1,86	3,86	1,43			
Cl.		2	4	4	7	6	1	3			
		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{2:3}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	133	126	127	130	129	135	128	129,71	3,88	2
	USP 14-01-20	129	128	122	128	128	133	131	128,43	2,59	3
	USP 14-07-05	132	132	128	131	130	136	133	131,71	5,88	1
	USP 14-13-16	130	127	124	125	127	132	125	127,14	1,31	4
	PI 520.733	113	113	107	114	110	117	111	112,14	-13,69	7
	IAC 100	127	124	120	125	124	131	125	125,14	-0,69	6
	M-Soy 8001	127	129	124	123	126	132	125	126,57	0,73	5
CMC		127,29	125,57	121,71	125,14	124,86	130,86	125,43	125,84		
CpG		1,45	-0,27	-4,12	-0,69	-0,98	5,02	-0,41			
Cl.		2	3	7	5	6	1	4			

Tabela 30 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para número de dias para maturidade (NDM) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013:

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
F _{2:5}		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
	GRUPO I	USP 14-10-38	146	142	146	141	145	146	142	143.87	2.78	3
		USP 14-01-20	139	135	139	141	140	143	142	140.03	-1.05	6
		USP 14-07-05	142	141	133	141	141	146	142	140.69	-0.39	5
		USP 14-13-16	146	145	142	142	144	148	142	144.12	3.04	2
		PI 520.733	135	131	127	124	134	137	130	131.41	-9.67	7
		IAC 100	146	143	139	140	143	144	142	142.54	1.45	4
		M-Soy 8001	146	145	145	142	146	147	142	144.92	3.83	1
	CMC		142.98	140.28	138.76	138.81	141.88	144.47	140.40	141.08		
CpG		1.90	-0.80	-2.32	-2.27	0.80	3.39	-0.68				
Cl.		2	5	7	6	3	1	4				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
F _{5:6}												
	GRUPO I	USP 14-10-38	135	134	129	134	135	136	130	133,28	3,83	1
		USP 14-01-20	133	131	122	131	131	137	133	131,05	1,60	4
		USP 14-07-05	134	134	121	134	131	137	131	131,92	2,48	2
		USP 14-13-16	128	131	129	126	129	132	123	128,37	-1,08	6
		PI 520.733	123	124	116	119	121	125	120	121,00	-8,45	7
		IAC 100	131	128	124	131	130	131	127	128,90	-0,55	5
		M-Soy 8001	134	129	134	131	131	134	128	131,63	2,18	3
	CMC		131,22	130,13	125,00	129,49	129,66	133,09	127,56	129,45		
CpG		1,78	0,68	-4,45	0,04	0,21	3,64	-1,89				
Cl.		2	3	7	5	4	1	6				

Tabela 30 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para número de dias para maturidade (NDM) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013:

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:7}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	141	140	131	135	136	142	133	137	3,91	1
	USP 14-01-20	138	137	129	133	135	138	135	135	1,97	3
	USP 14-07-05	139	141	124	143	135	136	135	136	3,29	2
	USP 14-13-16	129	133	134	129	130	134	126	131	-1,93	6
	PI 520.733	127	130	119	126	125	126	124	125	-7,60	7
	IAC 100	135	129	126	133	134	135	130	132	-1,33	5
	M-Soy 8001	139	131	138	133	137	135	129	135	1,67	4
CMC		135	134	129	133	133	135	130	133		
CpG		2,50	1,49	-4,22	0,37	0,31	2,28	-2,74			
Cl.		1	3	7	4	5	2	6			

Tabela 31 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para altura da planta na maturidade (APM) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013:

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:3}	GRUPO I	USP 14-10-38	84,0	75,0	83,0	103,0	85,0	99,0	108,0	91,0	10,20	1
		USP 14-01-20	75,0	72,0	75,0	90,0	82,0	95,0	96,0	83,6	2,78	5
		USP 14-07-05	72,0	70,0	82,0	90,0	85,0	100,0	96,0	85,0	4,20	2
		USP 14-13-16	79,0	72,0	77,0	83,0	81,0	98,0	99,0	84,1	3,35	4
		PI 520.733	48,0	49,0	55,0	63,0	55,0	68,0	65,0	57,6	-23,22	7
		IAC 100	76,0	72,0	75,0	93,0	80,0	98,0	96,0	84,3	3,49	3
		M-Soy 8001	72,0	72,0	77,0	77,0	78,0	96,0	88,0	80,0	-0,80	6
	CMC		72,29	68,86	74,86	85,57	78,00	93,43	92,57	80,80		
CpG		-8,51	-11,94	-5,94	4,78	-2,80	12,63	11,78				
Cl.		6	7	5	3	4	1	2				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:5}	GRUPO I	USP 14-10-38	105,14	94,14	105,14	108,39	98,39	117,89	104,39	104,79	5,16	1
		USP 14-01-20	85,14	86,89	85,14	112,64	100,64	118,14	110,39	99,86	0,23	6
		USP 14-07-05	90,89	84,89	93,64	107,89	107,14	117,89	108,64	101,57	1,95	4
		USP 14-13-16	95,64	92,89	99,14	112,14	96,39	117,89	110,64	103,54	3,91	2
		PI 520.733	81,14	69,14	86,14	84,14	79,14	92,89	88,64	83,04	-16,59	7
		IAC 100	97,89	87,14	95,14	116,89	100,39	114,89	112,14	103,50	3,88	3
		M-Soy 8001	95,14	84,89	98,19	103,39	100,64	121,64	103,64	101,08	1,46	5
	CMC		93,00	85,71	94,65	106,50	97,54	114,46	105,50	99,62		
CpG		-6,62	-13,91	-4,97	6,88	-2,09	14,84	5,88				
Cl.		6	7	5	2	4	1	3				

Tabela 31 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para altura da planta na maturidade (APM) em um dialelo parcial 7x7, capacidade médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013: (conclusão)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:6}	GRUPO I	USP 14-10-38	96,43	83,38	90,63	120,50	98,30	101,55	113,13	100,56	5,90	1
		USP 14-01-20	77,88	80,50	82,13	106,50	98,13	112,75	103,10	94,42	-0,23	6
		USP 14-07-05	84,75	66,75	83,81	115,00	102,26	114,17	98,52	95,04	0,38	5
		USP 14-13-16	80,60	90,25	98,04	97,26	96,88	112,50	106,02	97,36	2,71	3
		PI 520.733	70,75	49,38	82,61	84,25	81,25	99,25	95,00	80,36	-14,30	7
		IAC 100	86,79	80,50	89,38	116,14	88,98	116,02	112,27	98,58	3,93	2
		M-Soy 8001	88,93	80,13	88,98	96,02	89,66	120,12	110,00	96,26	1,61	4
	CMC		83,73	75,84	87,94	105,10	93,63	110,91	105,43	94,65		
CpG		-10,92	-18,82	-6,72	10,44	-1,02	16,25	10,78				
Cl.		6	7	5	3	4	1	2				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:7}	GRUPO I	USP 14-10-38	86,25	78,59	74,00	106,54	79,61	85,25	90,75	85,85	-3,18	6
		USP 14-01-20	70,00	76,00	77,75	93,63	94,25	103,00	88,75	86,20	-2,84	5
		USP 14-07-05	72,05	77,00	76,75	120,38	99,13	105,50	89,50	91,47	2,44	2
		USP 14-13-16	74,10	85,75	82,50	91,00	80,63	88,25	105,38	86,80	-2,24	4
		PI 520.733	81,15	68,00	83,55	88,50	85,64	95,13	96,13	85,44	-3,59	7
		IAC 100	81,38	87,00	75,25	116,38	91,13	117,50	114,13	97,54	8,50	1
		M-Soy 8001	85,50	79,25	79,75	90,88	83,13	110,25	100,88	89,95	0,91	3
	CMC		78,63	78,80	78,51	101,04	87,64	100,70	97,93	89,04		
CpG		-10,40	-10,24	-10,53	12,01	-1,39	11,66	8,89				
Cl.		6	5	7	1	4	2	3				

Tabela 32 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para acamamento (AC) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em quatro gerações, Piracicaba, 2009 a 2013:

(continua)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
F _{2:3}	GRUPO I	USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
	USP 14-10-38	1,10	1,20	1,20	1,40	1,20	1,40	2,00	1,36	0,12	1
	USP 14-01-20	1,10	1,10	1,20	1,40	1,30	1,40	1,70	1,31	0,08	3
	USP 14-07-05	1,10	1,00	1,20	1,20	1,20	1,20	1,60	1,21	-0,02	5
	USP 14-13-16	1,20	1,10	1,20	1,20	1,20	1,40	1,90	1,31	0,08	2
	PI 520.733	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,10	1,20	1,04	-0,20	7
	IAC 100	1,20	1,10	1,10	1,50	1,20	1,40	1,70	1,31	0,08	3
	M-Soy 8001	1,10	1,00	1,00	1,10	1,10	1,10	1,40	1,11	-0,12	6
	CMC	1,11	1,07	1,13	1,26	1,17	1,29	1,64	1,24		
CpG		-0,12	-0,17	-0,11	0,02	-0,07	0,05	0,40			
Cl.		6	7	5	3	4	2	1			
		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
F _{2:5}	GRUPO I	USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
	USP 14-10-38	1,50	1,50	1,50	1,70	1,73	1,86	1,97	1,68	0,02	4
	USP 14-01-20	1,41	1,40	1,41	1,77	1,62	1,83	1,76	1,60	-0,06	5
	USP 14-07-05	1,39	1,30	1,43	1,52	1,58	1,63	1,93	1,54	-0,12	7
	USP 14-13-16	2,07	1,69	1,62	1,66	1,62	1,81	2,10	1,79	0,13	1
	PI 520.733	1,44	1,34	1,51	1,50	1,60	1,73	1,77	1,56	-0,10	6
	IAC 100	1,65	1,59	1,74	1,72	1,65	1,66	2,07	1,73	0,07	3
	M-Soy 8001	1,81	1,62	1,63	1,58	1,75	1,77	1,93	1,73	0,07	2
	CMC	1,61	1,49	1,55	1,64	1,65	1,75	1,93	1,66		
CpG		-0,05	-0,17	-0,11	-0,02	-0,01	0,09	0,27			
Cl.		5	7	6	4	3	2	1			

Tabela 32 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para acamamento (AC) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em quatro gerações, Piracicaba, 2009 a 2013: (conclusão)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:6}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	1,57	1,60	1,75	3,08	2,07	1,93	2,58	2,08	0,07	4
	USP 14-01-20	1,78	1,73	1,68	2,35	2,20	2,60	2,71	2,15	0,14	2
	USP 14-07-05	1,78	1,30	1,48	2,55	2,33	1,90	1,61	1,85	-0,16	5
	USP 14-13-16	1,76	2,25	2,28	1,69	2,38	2,31	2,34	2,14	0,13	3
	PI 520.733	1,68	1,10	1,32	1,28	2,13	2,60	2,73	1,83	-0,18	6
	IAC 100	1,83	1,65	1,85	2,64	1,73	2,89	3,05	2,23	0,22	1
	M-Soy 8001	1,74	1,58	1,16	1,43	1,61	2,57	2,41	1,79	-0,22	7
CMC		1,73	1,60	1,64	2,14	2,06	2,40	2,49	2,01		
CpG		-0,28	-0,41	-0,37	0,13	0,05	0,39	0,48			
Cl.		5	7	6	3	4	2	1			
		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:7}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	1,37	1,41	1,48	1,62	1,63	1,47	1,55	1,50	0,01	4
	USP 14-01-20	1,43	1,42	1,46	1,49	1,66	1,66	1,51	1,52	0,02	3
	USP 14-07-05	1,36	1,40	1,46	1,66	1,66	1,68	1,45	1,52	0,03	2
	USP 14-13-16	1,50	1,44	1,53	1,35	1,38	1,37	1,81	1,48	-0,02	5
	PI 520.733	1,29	1,33	1,44	1,35	1,66	1,56	1,63	1,46	-0,03	6
	IAC 100	1,53	1,39	1,42	1,45	1,59	1,65	1,86	1,55	0,06	1
	M-Soy 8001	1,36	1,41	1,30	1,35	1,54	1,52	1,57	1,44	-0,06	7
CMC		1,41	1,40	1,44	1,47	1,59	1,56	1,62	1,50		
CpG		-0,09	-0,10	-0,06	-0,03	0,09	0,06	0,13			
Cl.		6	7	5	4	2	3	1			

Tabela 33 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para valor agrônômico (VA) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013:
(continua)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F ₂	GRUPO I	USP 14-10-38	2,07	1,69	2,04	1,96	2,28	2,40	2,16	2,09	0,12	2
		USP 14-01-20	1,85	1,56	2,10	2,16	2,28	2,28	2,16	2,06	0,09	4
		USP 14-07-05	1,90	1,44	1,88	1,96	2,22	2,19	2,13	1,96	-0,01	5
		USP 14-13-16	1,82	1,44	1,74	1,77	2,10	2,37	2,07	1,90	-0,06	6
		PI 520.733	1,19	1,21	1,37	1,93	1,77	1,96	1,46	1,56	-0,41	7
		IAC 100	2,10	1,74	1,99	2,04	2,16	2,34	2,13	2,07	0,11	3
		M-Soy 8001	1,99	1,69	2,19	1,80	2,34	2,59	2,28	2,13	0,16	1
	CMC		1,85	1,54	1,90	1,95	2,16	2,30	2,06	1,97		
CpG		-0,12	-0,43	-0,06	-0,02	0,20	0,34	0,09				
Cl.		6	7	5	4	2	1	3				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:3}	GRUPO I	USP 14-10-38	1,1	1,2	1,2	1,4	1,2	1,4	2,0	1,36	0,12	1
		USP 14-01-20	1,1	1,1	1,2	1,4	1,3	1,4	1,7	1,31	0,08	3
		USP 14-07-05	1,1	1,0	1,2	1,2	1,2	1,2	1,6	1,21	-0,02	5
		USP 14-13-16	1,2	1,1	1,2	1,2	1,2	1,4	1,9	1,31	0,08	2
		PI 520.733	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,1	1,2	1,04	-0,20	7
		IAC 100	1,2	1,1	1,1	1,5	1,2	1,4	1,7	1,31	0,08	3
		M-Soy 8001	1,1	1,0	1,0	1,1	1,1	1,1	1,4	1,11	-0,12	6
	CMC		1,11	1,07	1,13	1,26	1,17	1,29	1,64	1,24		
CpG		-0,12	-0,17	-0,11	0,02	-0,07	0,05	0,40				
Cl.		6	7	5	3	4	2	1				

Tabela 33 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para valor agrônômico (VA) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013: (continuação)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{2:5}	GRUPO I	USP 14-10-38	1,95	1,86	1,95	1,89	1,93	1,93	1,82	1,91	0,02	4
		USP 14-01-20	1,87	1,86	1,87	1,84	1,95	1,85	1,89	1,88	-0,01	6
		USP 14-07-05	1,99	2,01	1,98	1,97	2,07	2,02	1,88	1,99	0,10	1
		USP 14-13-16	1,86	1,94	1,98	1,94	1,92	1,92	1,72	1,90	0,01	5
		PI 520.733	1,64	1,55	1,60	1,57	1,61	1,70	1,64	1,62	-0,27	7
		IAC 100	1,98	1,98	1,99	1,99	1,99	1,99	1,90	1,98	0,09	2
		M-Soy 8001	1,98	1,90	1,99	2,05	2,00	1,97	1,90	1,97	0,08	3
	CMC		1,90	1,87	1,91	1,89	1,92	1,91	1,82	1,89		
CpG		0,01	-0,02	0,02	0,00	0,03	0,02	-0,07				
Cl.		4	6	3	5	1	2	7				

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:6}	GRUPO I	USP 14-10-38	3,62	3,51	3,59	3,19	3,74	3,44	3,49	3,51	0,03	4
		USP 14-01-20	3,31	3,51	3,49	3,43	3,64	3,31	3,30	3,43	-0,06	5
		USP 14-07-05	3,24	2,84	3,75	3,23	3,54	3,43	3,67	3,38	-0,10	6
		USP 14-13-16	3,42	3,54	3,66	3,82	3,53	3,52	3,48	3,57	0,08	2
		PI 520.733	3,14	2,14	3,72	3,59	3,44	3,31	3,11	3,21	-0,28	7
		IAC 100	3,56	3,50	3,84	3,47	3,73	3,34	3,42	3,55	0,07	3
		M-Soy 8001	3,70	3,46	3,99	4,03	3,85	3,51	3,65	3,74	0,26	1
	CMC		3,43	3,21	3,72	3,54	3,64	3,41	3,45	3,48		
CpG		-0,06	-0,27	0,23	0,05	0,15	-0,07	-0,04				
Cl.		5	7	1	3	2	6	4				

Tabela 33 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para valor agrônômico (VA) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em cinco gerações, Piracicaba, 2008 a 2013: (conclusão)

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:7}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	3,58	3,20	2,89	2,99	2,86	2,93	3,43	3,13	-0,07	4
	USP 14-01-20	2,95	3,18	3,11	3,24	3,05	2,84	3,25	3,09	-0,11	5
	USP 14-07-05	3,15	2,91	2,99	2,98	3,20	2,97	3,37	3,08	-0,11	6
	USP 14-13-16	2,98	3,21	3,18	3,69	3,42	3,14	3,13	3,25	0,05	2
	PI 520.733	3,47	2,59	2,84	3,52	2,79	3,05	2,74	3,00	-0,19	7
	IAC 100	3,00	3,09	3,17	3,45	3,61	3,17	2,80	3,18	-0,01	3
	M-Soy 8001	4,03	3,12	4,06	3,79	3,60	3,24	3,65	3,64	0,44	1
CMC		3,31	3,04	3,17	3,38	3,22	3,05	3,19	3,20		
CpG		0,11	-0,15	-0,02	0,19	0,02	-0,15	0,00			
Cl.		2	7	5	1	3	6	4			

Tabela 34 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para a primeira nota de ferrugem (NF1) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em duas gerações, Piracicaba. 2012/ 2013 e 2013/14.

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:6}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	1,33	1,50	1,50	1,70	1,55	1,71	1,85	1,59	-0,22	7
	USP 14-01-20	1,55	2,00	2,10	1,85	1,30	1,75	1,71	1,75	-0,06	5
	USP 14-07-05	1,75	2,15	2,10	1,80	1,43	1,81	1,86	1,84	0,03	4
	USP 14-13-16	1,90	1,70	1,96	2,10	1,65	1,81	2,14	1,89	0,08	2
	PI 520.733	2,00	2,05	2,09	2,10	1,80	1,90	2,25	2,03	0,22	1
	IAC 100	1,52	2,15	1,95	1,82	1,86	1,82	1,82	1,85	0,04	3
	M-Soy 8001	1,52	1,90	1,77	1,77	1,73	1,62	1,74	1,72	-0,09	6
CMC		1,66	1,92	1,92	1,88	1,62	1,77	1,91	1,81		
CpG		-0,16	0,11	0,11	0,07	-0,19	-0,04	0,10			
Cl.		6	2	1	4	7	5	3			
		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:7}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	0,95	0,65	0,88	0,85	1,00	0,90	0,80	0,86	-0,02	6
	USP 14-01-20	0,70	0,85	0,90	1,05	1,00	0,95	0,75	0,89	0,01	3
	USP 14-07-05	0,79	0,95	0,90	0,95	0,95	0,85	1,20	0,94	0,06	1
	USP 14-13-16	0,90	0,80	1,05	1,05	0,75	0,80	0,90	0,89	0,01	2
	PI 520.733	0,65	0,90	0,85	0,95	0,60	1,00	1,10	0,86	-0,01	5
	IAC 100	0,65	0,80	0,90	1,20	0,85	0,80	0,90	0,87	-0,01	4
	M-Soy 8001	0,60	0,85	0,70	0,90	1,00	0,75	1,00	0,83	-0,05	7
CMC		0,75	0,83	0,88	0,99	0,88	0,86	0,95	0,88		
CpG		-0,13	-0,05	0,01	0,11	0,00	-0,01	0,07			
Cl.		7	6	3	1	4	5	2			

Tabela 35 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para a segunda nota de ferrugem (NF2) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias de combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em duas gerações, Piracicaba, 2012/ 2013 e 2013/14.

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:6}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	1,95	1,80	2,25	1,95	1,73	2,00	2,30	2,00	-0,42	7
	USP 14-01-20	2,30	2,25	2,70	2,50	1,80	2,20	2,10	2,26	-0,16	5
	USP 14-07-05	2,25	2,60	2,95	2,55	2,14	2,14	2,50	2,45	0,03	4
	USP 14-13-16	2,81	2,75	2,65	2,81	2,70	2,52	2,95	2,74	0,32	2
	PI 520.733	3,00	2,85	3,09	3,20	2,60	2,45	2,90	2,87	0,45	1
	IAC 100	2,33	2,80	3,15	2,55	2,23	2,32	2,45	2,55	0,13	3
	M-Soy 8001	1,71	2,70	2,09	2,00	2,18	1,76	2,00	2,06	-0,35	6
CMC		2,34	2,54	2,70	2,51	2,20	2,20	2,46	2,42		
CpG		-0,08	0,12	0,28	0,09	-0,22	-0,22	0,04			
Cl.		5	2	1	3	7	6	4			
		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123			
F _{5:7}	GRUPO I										
	USP 14-10-38	1,20	1,07	1,26	1,23	1,15	1,33	1,24	1,21	-0,12	7
	USP 14-01-20	1,47	1,21	1,24	1,41	1,20	1,27	1,32	1,30	-0,03	6
	USP 14-07-05	1,21	1,27	1,46	1,40	1,42	1,36	1,44	1,36	0,03	2
	USP 14-13-16	1,47	1,34	1,33	1,46	1,22	1,18	1,51	1,36	0,02	3
	PI 520.733	1,47	1,40	1,47	1,58	1,37	1,28	1,49	1,44	0,10	1
	IAC 100	1,32	1,36	1,38	1,31	1,15	1,38	1,45	1,34	0,00	4
	M-Soy 8001	1,32	1,29	1,33	1,34	1,41	1,33	1,24	1,32	-0,01	5
CMC		1,35	1,28	1,35	1,39	1,28	1,31	1,38	1,33		
CpG		0,02	-0,06	0,02	0,05	-0,06	-0,03	0,05			
Cl.		4	6	3	1	7	5	2			

Tabela 36 - Resumo das médias de cruzamentos de soja para a terceira nota de ferrugem (NF3) em um dialelo parcial 7x7, capacidades médias d combinação (CMC), contribuição por genitor (CpG) e classificação do genitor no grupo (Cl.) em duas gerações, Piracicaba, 2012 2013 e 2013/14.

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:6}	GRUPO I	USP 14-10-38	2,29	2,10	2,45	2,20	2,00	2,14	2,70	2,27	-0,40	6
		USP 14-01-20	2,90	2,45	3,05	2,75	1,95	2,35	2,29	2,53	-0,13	5
		USP 14-07-05	2,60	2,90	3,29	2,65	2,33	2,43	2,73	2,70	0,04	4
		USP 14-13-16	3,10	3,10	2,87	3,00	2,95	2,90	3,27	3,03	0,36	2
		PI 520.733	3,30	3,15	3,36	3,30	2,85	2,80	3,15	3,13	0,46	1
		IAC 100	2,57	2,95	3,40	2,73	2,41	2,55	2,68	2,76	0,09	3
		M-Soy 8001	2,05	2,85	2,27	2,23	2,23	1,95	2,17	2,25	-0,42	7
	CMC	2,69	2,79	2,96	2,69	2,39	2,45	2,71	2,67			
CpG	0,02	0,12	0,29	0,03	-0,28	-0,22	0,05					
Cl.	5	2	1	4	7	6	3					

		GRUPO II							CMC	CpG	Cl.	
		USP 70.006	USP 70.057	USP 70.004	USP 70.109	USP 70.080	A7002	USP 70.123				
F _{5:7}	GRUPO I	USP 14-10-38	1,25	1,35	2,13	1,84	1,26	1,75	1,95	1,65	-0,10	5
		USP 14-01-20	2,00	1,68	1,73	1,84	1,50	1,30	1,84	1,70	-0,05	4
		USP 14-07-05	1,72	1,70	1,69	1,80	1,80	1,63	2,50	1,83	0,08	3
		USP 14-13-16	2,00	2,35	2,15	2,25	1,33	1,61	1,83	1,93	0,18	2
		PI 520.733	2,29	2,11	1,75	2,29	1,57	1,60	1,93	1,94	0,18	1
		IAC 100	1,89	1,59	2,13	1,39	1,24	1,45	1,78	1,64	-0,11	6
		M-Soy 8001	1,55	1,31	1,55	1,89	1,60	1,74	1,43	1,58	-0,17	7
	CMC	1,81	1,73	1,88	1,90	1,47	1,58	1,89	1,75			
CpG	0,06	-0,02	0,12	0,15	-0,28	-0,17	0,14					
Cl.	4	5	3	1	7	6	2					

Tabela 37 - Quadro resumo de correlações de Pearson (acima da diagonal) e de Spearman (abaixo da diagonal) das capacidades médias de combinação de dois grupos de genitores em um dialelo parcial 7x7 em seis gerações, soja, Piracicaba, 2008 a 2013:

(continua)

PG						
	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}
F ₂		0,88**	0,72**	0,73**	0,2	0,33
F _{2:3}	0,67**		0,80**	0,77**	0,35	0,4
F _{2:4}	0,27	0,37		0,81**	0,45	0,62*
F _{2:5}	0,43	0,37	0,55		0,14	0,62*
F _{5:6}	0,13	0,47	0,4	-0,08		0,57*
F _{5:7}	0,09	0,04	0,48	0,45	0,4	

NDM						
	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}
F ₂		0,95**	...	0,89**	0,84**	0,76**
F _{2:3}	0,91**		...	0,82**	0,93**	0,88**
F _{2:4}	...	...		...	...	...
F _{2:5}	0,69**	0,57*	...		0,81**	0,70**
F _{5:6}	0,71**	0,84**	...	0,61**		0,97**
F _{5:7}	0,66**	0,86**	...	0,49*	0,96**	

PCS						
	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}
F ₂		...	...	...	...	...
F _{2:3}	...		...	...	...	...
F _{2:4}	...	...		0,93**	0,91**	0,79**
F _{2:5}	...	...	0,91**		0,95**	0,80**
F _{5:6}	...	...	0,90**	0,86**		0,87**
F _{5:7}	...	...	0,85**	0,83**	0,93**	

APM						
	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}
F ₂		...	...	...	...	...
F _{2:3}	...		...	0,95**	0,91**	0,66*
F _{2:4}	...	...		...	...	...
F _{2:5}	...	0,96**	...		0,97**	0,76**
F _{5:6}	...	0,96**	...	0,98**		0,84**
F _{5:7}	...	0,77**	...	0,81**	0,82**	

Tabela 37 - Quadro resumo de correlações de Pearson (acima da diagonal) e de Spearman (abaixo da diagonal) das capacidades médias de combinação de dois grupos de genitores em um dialelo parcial 7x7 em seis gerações, soja, Piracicaba, 2008 a 2013:

AC						VA						(conclusão)
F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}	
F ₂	...	...	...	...	...	F ₂	0,51	...	0,58 [*]	0,59 [*]	0,3	
F _{2:3}	...	...	0,79 ^{**}	0,85 ^{**}	0,73 ^{**}	F _{2:3}	0,48	...	0,11	0,11	-0,06	
F _{2:4}	...	...	...	...	...	F _{2:4}	...	...	...	...	...	
F _{2:5}	...	0,64 ^{**}	...	0,79 ^{**}	0,62 [*]	F _{2:5}	0,57 [*]	0,08	...	0,57	0,4	
F _{5:6}	...	0,83 ^{**}	...	0,72 ^{**}	0,84 ^{**}	F _{5:6}	0,4	0,2	...	0,46	0,70 [*]	
F _{5:7}	...	0,71 ^{**}	...	0,54 [*]	0,83 ^{**}	F _{5:7}	0,2	0,13	...	0,23	0,75 [*]	
NF1						NF2						
F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}	F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}	
F _{5:6}	...	...	...	...	0,37	F _{5:6}	...	...	...	...	0,61 [*]	
F _{5:7}	...	...	...	...	0,23	F _{5:7}	...	...	...	0,58 [*]		
NF3												
F ₂	F _{2:3}	F _{2:4}	F _{2:5}	F _{5:6}	F _{5:7}							
F _{5:6}	...	...	...	...	0,80 ^{**}							
F _{5:7}	...	...	...	...	0,77 ^{**}							

Tabela 38 - Quadro resumo de correlações de Pearson (acima da diagonal) e de Spearman (abaixo da diagonal) entre as médias dos caracteres PG, PCS, NDM, APM, AC, VA, NF1, NF2 e NF3 avaliadas em um dialelo parcial 7x7 em seis gerações, soja, Piracicaba, 2010 a 2013:

CARACTERÍSTICA	PG	PCS	APM	AC	VA	NDM	NF1	NF2	NF3	TRF-PG	TRF-PCS
PG		-0,38**	0,30*	0,33*	0,40**	0,49**	-0,45**	-0,28*	-0,37**	-0,14	-0,14
PCS	-0,39**		-0,36*	-0,07	-0,57**	-0,48**	0,19	0,36*	0,30*	-0,05	-0,21
APM	0,27	-0,38**		0,66**	0,38**	0,52**	0,00	-0,29*	-0,30*	-0,11	0,07
AC	0,40**	-0,14	0,66**		-0,02	0,19	0,04	0,01	-0,02	-0,11	0,06
VA	0,44**	-0,53**	0,34*	-0,01		0,64**	-0,34*	-0,48**	-0,53**	-0,19	0,02
NDM	0,49**	-0,46**	0,45**	0,17	0,58**		-0,41**	-0,62**	-0,71**	-0,05	0,24
NF1	-0,42**	0,18	0,01	-0,03	-0,29*	-0,39**		0,59**	0,62**	-0,04	0,20
NF2	-0,30*	0,38**	-0,30*	-0,04	-0,50**	-0,63**	0,58**		0,90**	0,07	0,22
NF3	-0,38**	0,30*	-0,33*	-0,10	-0,51**	-0,70**	0,62**	0,91**		0,18	0,22
TRF-PG	-0,20	-0,04	-0,18	-0,18	-0,19	-0,03	-0,05	0,11	0,17		0,58**
TRF-PCS	-0,19	-0,23	0,06	-0,18	0,11	0,27	0,21	0,20	0,21	0,52**	

Tabela39– Resumo das médias ajustadas^{1,2} dos experimentos auxiliares de genitores e testemunhas conduzidos em quatro anos, soja, Piracicaba, 2010/2014.

GENÓTIPOS	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF-PG	TRF-PCS
1 - USP 14-10-38	3585 a	18,5 a	148 c	111 a	1,76 a	2,92 a	1,27 a	1,7 a	2,34 b	21,6 B	6,8 b
2 - USP 14-01-20	3078 b	14,9 a	149 c	111 a	2,17 b	2,92 a	1,36 a	1,97 a	2,85 c	49,0 D	12,0 c
3 - USP 14-07-05	2679 c	12,1 b	151 d	109 a	1,69 a	3,07 a	1 a	1,33 a	1,8 a	31,6 C	12,0 c
4 - USP 14-13-16	3264 a	15,1 a	145 c	105 b	2,08 a	2,92 a	1,27 a	1,88 a	2,27 b	26,5 B	11,1 c
5 - PI 520,733	2876 b	15,4 a	129 a	115 a	2,85 c	2,87 a	1,54 a	2,33 b	2,79 c	20,7 B	5,6 b
6 - IAC 100	2926 b	11,3 c	145 c	95 b	1,76 a	2,71 a	1,18 a	1,33 a	1,89 a	15,9 B	9,2 b
7 - M-Soy 8001	3523 a	14,1 b	145 c	101 b	1,59 a	2,42 a	1,18 a	1,79 a	2,18 b	29,6 C	12,0 c
8 - USP 70.006	2528 c	13,7 b	137 b	86 b	1,34 a	2,89 a	1,15 a	1,69 a	2,21 b	18,2 B	3,8 a
9 - USP 70.057	3043 b	15,1 a	136 b	117 a	2,01 a	3,31 a	0,9 a	1,42 a	1,89 a	11,2 A	7,7 b
10 - USP 70.004	2844 b	14,7 a	129 a	99 b	2,05 a	2,74 a	1,09 a	2,24 b	2,25 b	15,5 B	7,0 b
11 - USP 70.109	2793 b	15,2 a	138 b	108 b	1,72 a	2,76 a	0,9 a	1,06 a	1,8 a	40,9 C	7,6 b
12 - USP 70.080	3643 a	12,5 b	142 c	110 a	1,95 a	3,32 a	1 a	1,51 a	1,8 a	36,3 C	3,9 a
13 - A 7002	2995 b	11,3 c	151 d	132 a	2,27 b	2,6 a	1,36 a	2,06 b	2,8 c	87,4 D	12,7 c
14 - USP 70123	2932 b	14,2 b	135 b	131 a	2,82 c	2,98 a	1,09 a	1,6 a	2,07 b	17,5 B	7,2 b
Média dos Genitores	3051	14,1	141	109	2	2,89	1,16	1,71	2,21	30,1	8,5
T01-CONQUISTA	3806 a	16,5 a	145 b	86 a	2,03 a	2,91 a	1,1 a	1,79 b	2,27 b	24,2 C	10,8 c
T02-FMT TUCUNARÉ	2949 b	14,9 b	141 b	86 a	1,99 a	3,05 a	1,18 a	2,24 b	2,5 b	35,0 A	13,0 c
T03-UFVS 2002	3197 b	16,8 a	144 b	107 a	1,85 a	2,71 a	1,27 a	1,79 b	2,16 b	14,3 A	0,9 a
T04-MSOY 6101	2999 b	15,1 a	119 a	107 a	1,91 a	2,65 a	0,9 a	1,33 a	1,77 a	2,8 B	0,4 a
T05-CB 07-958-B	2326 c	16,5 a	117 a	70 b	1,91 a	2,9 a	1,14 a	1,72 b	2,22 b	16,4 B	5,0 a
Média das Testemunhas	3055	16,0	133	91	1,94	2,84	1,12	1,77	2,19	18,5	6,0
Média Geral	3052	14,6	139	105	1,99	2,88	1,15	1,72	2,2	27,1	7,8

¹ Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 5% de probabilidade;

² Unidades: PG (kg.ha⁻¹); PCS (g); NDM (dias); APM (cm); VA, NF1, NF2 e NF3 (notas); TRF-PG e TRF-PCS (%).

Tabela 40 – Resumo das médias das linhagens experimentais F_{5:7} agrupadas pelo método de Scott-Knott, limite inferior e superior de cada grupo, frequência de linhagens no grupo e classificação. Piracicaba (ESALQ e Areão), linhagens F_{5:7}, soja, 2013/14.

(continua)

Característica	Grupo ¹	Limite inferior	Limite superior	Frequência de progênes	Classificação ²
PG (kg.ha ⁻¹)	a	3740	4228	8	Alta
	b	3163	3683	58	Alta
	c	2630	3153	92	Moderada
	d	2085	2620	60	Moderada
	e	1160	2073	27	Baixa
PCS (g)	a	19,63	21,93	3	Grande
	b	17,66	18,87	20	Média
	c	16,03	17,52	57	Moderada
	d	14,62	15,99	100	Moderada
	e	13,17	14,60	56	Pequena
	f	12,40	13,11	9	Pequena
NDM (dias)	a	116,00	123,63	31	Precoces
	b	124,13	131,38	65	Semi-precoces
	c	131,63	139,17	98	Médio
	d	139,50	146,83	46	Tardio
	e	147,20	149,25	5	Tardio
APM (cm)	a	122,50	138,75	8	Alta
	b	105,63	121,88	40	Alta
	c	88,75	105,00	55	Alta
	d	73,13	88,13	104	Média
	e	60,63	72,50	36	Média
	f	48,75	56,88	2	Baixa
AC (notas)	a	0,99	1,54	91	Ereta
	b	1,55	2,08	99	Semi-ereta
	c	2,11	2,62	35	Semi-ereta
	d	2,71	3,20	16	Semi-acamada
	e	3,34	3,73	4	Acamada
VA(notas)	a	1,83	4,37	245	Bom

¹: Grupos formados na análise de agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott, com exceção da TRF (TRF classificada em classe por intervalos de 15%).

²: Classificação atribuída em relação aos genótipos estudados: progênes, testemunhas e genitores.

Tabela 40 – Resumo das médias das linhagens experimentais F_{5:7} agrupadas pelo método de Scott-Knott, limite inferior e superior de cada grupo, frequência de linhagens no grupo e classificação. Piracicaba (ESALQ e Areão), linhagens F_{5:7}, soja, 2013/14.
(conclusão)

Característica	Grupo ¹	Limite inferior	Limite superior	Frequência de progênies	Classificação ²
NF1(notas)	a	0,43	1,72	245	-
NF2 (notas)	a	0,50	1,25	115	Resistente
	b	1,33	2,50	130	Moderada
NF3 (notas)	a	0,20	1,16	33	Resistente
	b	1,22	1,74	115	Moderada
	c	1,86	3,99	96	Suscetível
TRF – PG %	a	0	15,0	101	Tolerantes
	b	15,1	30,0	79	Moderada
	c	30,1	-	65	Baixa tolerância
TRF – PCS %	a	0	5,0	109	Tolerantes
	b	5,1	10,0	94	Moderada
	c	10,1	-	42	Baixa tolerância

¹: Grupos formados na análise de agrupamento de médias pelo método de Scott-Knott, com exceção da TRF-PG e classificada em classes por intervalos de 15% e TRF-PCS em intervalos de 5%).

²: Classificação atribuída em relação aos genótipos estudados: progênies, testemunhas e genitores.

Tabela 41 – Médias¹ das 25 linhagens de soja na geração F_{5:7} (L.E) selecionadas pelo índice da soma de postos, soja, Piracicaba, 2013/14.

L.E.	Cruz.	Genealogia	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF – PG	TRF - PCS
23-216-19-03	37	IAC 100 x USP 70.057	3445	13,66	127	71	1,11	3,3	0,44	1,50	0,89	9,65	9,15
23-217-69-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	3083	15,22	125	114	2,32	3,5	0,69	1,50	0,99	1,06	2,39
23-213-49-01	12	USP 14-01-20 x USP 70.080	3440	17,28	134	128	2,16	3,1	1,46	1,50	0,21	19,11	6,94
23-216-53-03	40	IAC 100 x USP 70.080	3468	13,52	133	99	1,96	4,0	0,89	1,25	1,22	29,71	7,91
23-216-49-02	40	IAC 100 x USP 70.080	3290	13,11	133	94	1,57	4,3	0,99	1,00	0,99	4,96	0,62
23-215-69-04	28	USP 14-13-16 x USP 70.123	3358	16,93	128	113	2,96	3,0	0,89	2,00	1,46	5,92	13,98
23-211-25-02	31	PI 520.733 x USP 70.004	2728	15,9	118	79	1,22	3,0	0,69	2,00	1,16	29,96	9,96
23-217-65-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	2903	15,23	125	116	2,16	3,7	1,22	1,75	1,22	0	0,00
23-216-36-02	39	IAC 100 x USP 70.109	3445	14,6	126	116	1,22	4,3	1,22	1,00	1,57	5,94	7,11
23-217-20-04	44	M-Soy 8001 x USP 70.057	3073	15,35	130	79	1,78	3,2	0,44	0,75	0,99	19,44	12,65
23-211-58-01	34	PI 520.733 x A7002	2590	14,98	119	106	2,19	3,2	1,11	1,50	0,44	62,1	7,70
23-211-26-04	31	PI 520.733 x USP 70.004	3100	14,86	125	122	1,90	3,1	0,89	1,00	1,46	21,85	5,88
23-216-48-05	40	IAC 100 x USP 70.080	3300	12,98	134	89	1,87	4,0	0,69	1,25	1,22	16,28	2,70
23-212-08-03	1	USP 14-10-38 x USP 70.006	3513	13,03	133	97	1,54	3,7	0,69	0,75	1,40	23,11	11,36
23-217-68-02	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	3918	15,46	138	86	1,11	4,1	0,89	1,25	1,11	16,24	0,78
23-216-61-03	41	IAC 100 x A7002	3348	13,73	132	121	1,57	3,6	0,44	1,25	1,40	8,53	2,71
23-216-05-02	36	IAC 100 x USP 70.006	3398	16,12	137	86	2,16	3,0	0,69	1,00	1,09	8,72	2,52
23-217-24-03	45	M-Soy 8001 x USP 70.004	3765	16,08	138	81	1,11	3,9	0,44	1,00	1,22	21,92	13,42
23-216-14-02	37	IAC 100 x USP 70.057	2998	12,4	127	75	1,11	3,6	0,69	1,50	1,40	44,18	2,41
23-217-53-05	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	4228	15,43	137	93	1,66	4,1	0,89	1,75	1,32	19,9	12,88
23-217-47-01	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	3518	13,75	135	74	1,60	3,9	0,44	1,75	1,46	13,04	9,73
23-215-10-01	22	USP 14-13-16 x USP 70.006	2965	15,42	135	85	2,42	2,8	0,44	1,25	0,89	50,22	11,92
23-215-44-04	26	USP 14-13-16 x USP 70.080	2745	14,67	123	71	1,22	3,7	0,44	1,25	1,46	19,28	9,18
23-213-11-01	9	USP 14-01-20 x USP 70.057	3213	16,19	137	74	1,69	3,2	0,69	0,75	1,22	11,6	5,03
23-217-73-01	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	3223	14,24	137	89	1,66	4,0	1,22	2,00	1,11	12,22	0,62
MÉDIA			3282	14,8	131	94	1,73	3,6	0,78	1,34	1,16	19	6,78

¹ Unidades: PG (kg.ha⁻¹); PCS (g); NDM (dias); APM (cm); VA, NF1, NF2 e NF3 (notas); TRF-PG e TRF-PCS (%).

Tabela 42 – Ganhos de seleção por caráter em relação à média dos genitores de cada cruzamento (GSmg em %) das 25 linhagens F_{5:7} (L.E) selecionadas pelo índice da soma de postos, Piracicaba (ESALQ e Areão), soja, 2013/14.

L.E.	Cruz.	Genealogia	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF – PG	TRF – PCS
23-216-19-03	37	IAC 100 x USP 70.057	+13	+1	-1	-21	-37	+5	-2	+1	-18	-29	+8
23-217-69-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	+2	+4	-3	+12	+9	+14	0	-1	-13	-95	-75
23-213-49-01	12	14-01-20 x USP 70.080	+12	+17	0	+30	+5	+1	+4	+12	-30	-55	-13
23-216-53-03	40	IAC 100 x USP 70.080	+13	+10	+1	+15	+6	+17	0	-4	-11	+14	+21
23-216-49-02	40	IAC 100 x USP 70.080	+9	+7	+1	+9	-13	+23	0	-11	-15	-81	-91
23-215-69-04	28	14-13-16 x USP 70.123	+11	+15	0	+9	+22	+1	+1	+12	-4	-72	+53
23-211-25-02	31	PI 520.733 x USP 70.004	0	+9	-1	-23	-49	+4	-1	+3	-16	+66	+58
23-217-65-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	-2	+4	-3	+14	+2	+20	+4	+6	-8	-100	-100
23-216-36-02	39	IAC 100 x USP 70.109	+33	+10	-3	+33	-24	+29	+1	-12	-9	-79	-15
23-217-20-04	44	M-Soy 8001 x USP 70.057	-4	+3	1	-15	0	+2	-2	-18	-15	-5	+28
23-211-58-01	34	PI 520.733 x A7002	-10	+6	-10	-11	-13	+16	+1	+3	-26	+15	-16
23-211-26-04	31	PI 520.733 x USP 70.004	+10	+3	+4	+17	-25	+8	0	-18	-11	+21	-7
23-216-48-05	40	IAC 100 x USP 70.080	+9	+6	+2	+4	+2	+17	-1	-4	-11	-37	-59
23-212-08-03	1	14-10-38 x USP 70.006	+23	-19	0	+15	+1	+25	-1	-20	-12	+16	+114
23-217-68-02	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	+23	+5	+7	-15	-44	+30	+1	-7	-10	-31	-92
23-216-61-03	41	IAC 100 x A7002	+12	+8	-4	+23	-17	+20	-3	-1	-9	-83	-75
23-216-05-02	36	IAC 100 x USP 70.006	+29	+22	+5	+14	+38	+4	-1	-14	-18	-49	-61
23-217-24-03	45	M-Soy 8001 x USP 70.004	+20	+10	+11	-4	-38	+20	-3	-15	-14	-3	+41
23-216-14-02	37	IAC 100 x USP 70.057	+2	-7	-1	-17	-37	+11	-1	+1	-9	+227	-71
23-217-53-05	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	+21	+12	+4	+5	-4	+15	0	+12	-7	-40	+62
23-217-47-01	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	+5	+1	+3	-15	-7	+9	-2	+12	-4	-60	+22
23-215-10-01	22	14-13-16 x USP 70.006	+7	+6	+4	+6	+38	0	-2	-7	-20	+128	+60
23-215-44-04	26	14-13-16 x USP 70.080	-10	+7	-6	-21	-37	+12	-2	-3	-5	-38	+22
23-213-11-01	9	14-01-20 x USP 70.057	+7	+2	+4	-27	-17	+9	0	-15	-12	-61	-49
23-217-73-01	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	+6	-2	+7	-12	-20	+27	+4	+12	-10	-48	-94
MÉDIA			+10	+6	+1	+1	-10	+14	0	-3	-13	-19	-13

Tabela 43 – Ganhos de seleção por característica estimados em relação ao genitor superior de cada cruzamento (GSgs em %) das 25 linhagens experimentais F_{5:7} (L.E.) selecionadas pelo método de soma de postos, Piracicaba (ESALQ e Areão), soja, 2013/14.

L.E.	Cruz	Genealogia	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF – PG	TRF – PCS
23-216-19-03	37	IAC 100 x USP 70.057	+9	-9	+2	-31	-36	+5	-2	+1	-18	-12	+19
23-217-69-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	-8	+4	+1	-4	+9	+5	+1	-1	-12	-94	-67
23-213-49-01	12	14-01-20 x USP 70.080	+9	+5	+3	+23	+16	+1	+4	+12	-30	-47	+78
23-216-53-03	40	IAC 100 x USP 70.080	+9	+6	+2	+6	+6	+17	0	-4	-9	+86	+103
23-216-49-02	40	IAC 100 x USP 70.080	+5	+3	+3	+1	-13	+23	0	-11	-14	-69	-84
23-215-69-04	28	14-13-16 x USP 70.123	0	+14	+3	-5	+22	0	+2	+12	-2	-65	+94
23-211-25-02	31	PI 520.733 x USP 70.004	-8	+9	+2	-33	-40	+4	-1	+3	-16	+100	+78
23-217-65-04	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	-12	+4	+1	-2	+2	+11	+5	+6	-7	-100	-100
23-216-36-02	39	IAC 100 x USP 70.109	+17	0	-1	+23	-15	+29	+1	-12	-9	-63	-6
23-217-20-04	44	M-Soy 8001 x USP 70.057	-9	+1	+4	-23	0	-3	-2	-18	-15	+77	+64
23-211-58-01	34	PI 520.733 x A7002	-11	+3	-4	-12	+8	+16	+1	+9	-26	+196	+38
23-211-26-04	31	PI 520.733 x USP 70.004	+1	+2	+8	0	-11	+8	0	-18	-11	+46	+5
23-216-48-05	40	IAC 100 x USP 70.080	+6	+2	+3	-4	+2	+17	-1	-4	-9	+2	-31
23-212-08-03	1	14-10-38 x USP 70.006	+6	-27	+5	+1	+25	+19	-1	-20	-12	+28	+199
23-217-68-02	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	+9	+5	+11	-27	-44	+20	+2	-7	-9	-4	-89
23-216-61-03	41	IAC 100 x A7002	+11	+1	-1	+3	-17	+16	-3	+1	-9	-47	-71
23-216-05-02	36	IAC 100 x USP 70.006	+16	+12	+8	+9	+72	+1	-1	-14	-18	-46	-34
23-217-24-03	45	M-Soy 8001 x USP 70.004	+6	+9	+19	-5	-38	+12	-3	-15	-14	+46	+92
23-216-14-02	37	IAC 100 x USP 70.057	-1	-17	+2	-27	-36	+11	-1	+1	-9	+302	-69
23-217-53-05	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	+15	+5	+6	0	-4	+13	0	+12	-7	-34	+230
23-217-47-01	47	M-Soy 8001 x USP 70.080	+1	-5	+4	-20	-7	+8	-2	+12	-4	-57	+149
23-215-10-01	22	14-13-16 x USP 70.006	-8	+5	+6	-4	+92	-2	-2	-7	-20	+179	+214
23-215-44-04	26	14-13-16 x USP 70.080	-13	0	-6	-23	-31	+12	-2	-3	-4	-26	+135
23-213-11-01	9	14-01-20 x USP 70.057	+4	-1	+10	-28	-10	+9	0	-15	-12	5	-35
23-217-73-01	49	M-Soy 8001 x USP 70.123	-6	-2	+11	-24	-20	+17	+5	+12	-9	-28	-91
MÉDIA			+2	+1	+4	-8	-3	+11	0	-3	-12	+15	+33

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais de soja (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR). Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continua)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
1	23-212-08-03	3513 b ²	13,0 f	133 c	97 c	1,5 a	3,7 a	0,7 a	0,8 a	1,4 b	23,1 b	11,4 a
1	23-212-01-05	3235 b	18,3 b	147 e	94 c	1,2 a	3,5 a	1,1 a	1,0 a	0,9 a	23,7 b	1,7 a
1	23-212-03-03	2985 c	17,7 b	141 d	86 d	1,3 a	3,7 a	1,0 a	0,8 a	1,7 b	24,9 b	10,8 a
1	23-212-10-03	2723 c	17,7 b	144 d	76 d	1,6 b	3,5 a	0,6 a	1,5 b	1,0 a	9,8 a	3,8 a
1	23-212-07-01	2243 d	16,4 c	143 d	78 d	1,2 a	3,5 a	0,9 a	1,3 a	0,9 a	4,1 a	6,6 a
2	23-212-17-04	3430 b	15,4 d	131 b	74 d	1,5 a	3,2 a	0,4 a	0,8 a	1,7 b	25,8 b	5,0 a
2	23-212-16-05	3391 b	15,4 d	142 d	80 d	1,7 b	3,3 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	29,9	13,6 a
2	23-212-20-04	3090 c	16,8 c	146 d	73 d	1,3 a	3,2 a	1,0 a	1,3 a	1,1 a	28,6 b	3,3 a
2	23-212-13-05	2538 d	15,9 d	147 d	83 d	1,4 a	3,2 a	0,4 a	0,5 a	0,7 a	68,5 d	0,0 a
2	23-212-18-03	2313 d	17,3 c	138 c	83 d	1,5 a	3 a	0,4 a	0,5 a	1,2 b	13,6 a	3,4 a
3	23-212-23-03	2990 c	15,8 d	136 c	76 d	1,8 b	3,2 a	0,7 a	1,5 b	1,7 b	4,5 a	2,4 a
3	23-212-27-04	2975 c	17,8 b	137 c	84 d	1,9 b	3 a	0,7 a	0,8 a	1,2 b	7,8 a	7,4 a
3	23-212-29-05	2805 c	16,0 d	120 a	76 d	1,6 b	3 a	0,9 a	1,0 a	2,3 c	16,6 b	5,3 a
3	23-212-32-01	1660 e	17,2 c	128 b	65 e	1,5 a	2,6 a	0,9 a	1,3 b	2,5 c	44,4 c	13,2 a
3	23-212-25-01	1240 e	16,9 c	134 c	62 e	1,6 b	2,5 a	0,8 a	1,5 b	4,0 d	0,0 a	4,9 a
4	23-212-36-05	3153 c	15,2 d	128 b	85 d	1,2 a	4,1 a	0,8 a	1,8 b	2,5 c	15,7 b	8,7 a
4	23-212-38-05	2373 d	18,2 b	135 c	111 b	3,1 d	2,6 a	0,7 a	0,5 a	1,3 b	57,6 d	9,7 a
4	23-212-42-02	2180 d	17,2 c	137 c	119 b	2,7 d	2,6 a	0,9 a	1,3 a	1,9 c	12,3 a	6,7 a
4	23-212-33-04	2073 e	17,5 c	143 d	115 b	2,1 b	2,6 a	0,6 a	1,0 a	1,3 b	4,8 a	11,4 a
4	23-212-40-02	1760 e	15,6 d	135 c	103 c	1,8 b	3,2 a	0,6 a	1,0 a	1,7 b	8,6 a	0,9 a
5	23-212-52-03	2813 c	14,5 e	135 c	88 d	1,8 b	3,6 a	0,8 a	1,0 a	1,0 a	10,7 a	6,8 a
5	23-212-43-03	2270 d	15,7 d	135 c	84 d	2,8 d	2,9 a	1,2 a	1,0 a	1,3 b	14,3 a	0,4 a
5	23-212-46-05	1965 e	16,2 c	138 c	76 d	2,2 c	2,6 a	0,6 a	0,5 a	1,2 b	46,3 d	4,2 a
5	23-212-53-01	1774 e	15,6 d	136 c	79 d	2,0 b	2,6 a	0,9 a	1,0 a	1,0 a	24,4 b	2,7 a
5	23-212-48-01	1635 e	16,6 c	135 c	68 e	2,0 b	2,6 a	0,9 a	1,0 a	1,4 b	0,0 a	1,8 a

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
6	23-212-58-01	3058 c	15,0 d	143 d	78 d	1,7 b	3,2 a	0,7 a	1,0 a	1,7 b	13,0 a	1,8 a
6	23-212-57-04	2730 c	15,6 d	139 c	84 d	1,8 b	3,1 a	0,4 a	1,5 b	2,2 c	19,4 b	2,4 a
6	23-212-64-04	2655 c	16,0 c	145 d	93 c	2,0 b	2,9 a	0,9 a	1,5 b	1,7 b	9,5 a	1,7 a
6	23-212-61-01	2577 d	14,5 e	145 d	74 d	1,6 b	3,0 a	1,2 a	1,3 a	1,4 b	26,3 b	3,1 a
6	23-212-59-03	1771 e	15,8 d	138 c	97 c	1,3 a	2,5 a	0,9 a	1,5 b	1,4 b	15,2 b	1,8 a
7	23-212-71-04	3240 b	15,9 d	138 c	89 c	2,4 c	3,2 a	0,7 a	0,8 a	1,9 c	1,9 a	1,9 a
7	23-212-73-04	3240 b	16,1 c	144 d	109 b	2,4 c	3,0 a	0,7 a	1,0 a	1,4 b	18,2 b	0,2 a
7	23-212-67-04	3223 b	15,0 d	131 b	88 d	1,9 b	3,6 a	0,7 a	1,3 a	1,9 c	5,4 a	6,2 a
7	23-212-70-04	3163 b	16,5 c	126 b	84 d	1,2 a	4,0 a	0,9 a	1,3 a	2,2 c	10,2 a	3,5 a
7	23-212-65-05	2660 c	15,5 d	130 b	83 d	1,7 b	3,4 a	0,6 a	1,3 a	2,0 c	16,9 b	6,2 a
8	23-213-06-04	3558 b	15,1 d	138 c	69 e	1,5 a	3,5 a	0,4 a	1,8 b	1,9 c	20,0 b	5,1 a
8	23-213-01-03	3425 b	17,1 c	140 d	69 e	1,7 b	2,7 a	0,9 a	1,8 b	1,7 b	23,2 b	4,4 a
8	23-213-02-03	3218 b	16,0 d	130 b	71 e	1,4 a	3,0 a	0,7 a	2,0 b	2,5 c	19,9 b	10,8 a
8	23-213-07-02	3115 c	17,0 c	143 d	73 d	1,8 b	2,8 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	10,0 a	6,0 a
8	23-213-04-05	2208 d	14,7 d	140 d	69 e	1,4 a	2,7 a	0,4 a	2,0 b	1,9 c	38,1 c	1,7 a
9	23-213-11-01	3213 b	16,2 c	137 c	74 d	1,7 b	3,2 a	0,7 a	0,8 a	1,2 b	11,6 a	5,0 a
9	23-213-21-01	3035 c	14,1 e	126 b	71 e	1,0 a	3,5 a	0,9 a	1,5 b	1,6 b	6,9 a	1,1 a
9	23-213-18-02	2830 c	18,4 b	144 d	76 d	1,8 b	3,1 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	35,1 c	6,9 a
9	23-213-17-05	2620 d	15,5 d	144 d	79 d	1,5 a	3,1 a	0,9 a	0,8 a	2,0 c	4,1 a	3,5 a
9	23-213-20-05	2253 d	15,2 d	135 c	80 d	1,7 b	3,0 a	0,7 a	1,0 a	1,7 b	12,1 a	3,3 a
10	23-213-26-04	2685 c	15,8 d	142 d	83 d	1,7 b	3,2 a	0,7 a	1,0 a	1,5 b	5,4 a	1,0 a
10	23-213-25-05	2655 c	18,3 b	141 d	91 c	2,0 b	3,2 a	0,4 a	1,0 a	1,5 b	4,5 a	1,9 a
10	23-213-24-04	2560 d	14,6 d	122 a	73 d	1,3 a	3,5 a	1,2 a	1,0 a	2,5 c	1,5 a	3,8 a
10	23-213-31-05	2325 d	15,6 d	116 a	71 e	1,5 a	3,0 a	1,2 a	1,3 a	1,5 b	38,6 c	5,9 a
10	23-213-23-02	1808 e	15,0 d	123 a	71 e	1,7 b	2,7 a	0,6 a	1,5 b	2,0 c	27,2 b	1,7 a

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR). Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
11	23-213-36-04	3220 b	18,7 b	136 c	100 c	1,6 b	3,7 a	1,2 a	1,5 b	1,9 c	8,4 a	14,0 a
11	23-213-39-02	2338 d	16,7 c	128 b	92 c	1,3 a	3,7 a	0,9 a	1,8 b	2,3 c	36,8 c	9,7 a
11	23-213-41-01	2223 d	16,7 c	135 c	75 d	2,2 c	2,7 a	0,9 a	1,8 b	1,9 c	0,2 a	1,4 a
11	23-213-40-03	2150 d	17,7 b	129 b	105 c	1,6 b	3,3 a	1,0 a	1,3 a	1,7 b	11,2 a	4,8 a
11	23-213-33-02	1628 e	16,2 c	137 c	96 c	1,9 b	2,7 a	0,6 a	1,5 b	1,1 a	39,6 c	5,1 a
12	23-213-49-01	3440 b	17,3 c	134 c	128 a	2,2 c	3,1 a	1,5 a	1,5 b	0,2 a	19,1 b	6,9 a
12	23-213-44-02	3153 c	14,3 e	135 c	84 d	2,0 b	3,5 a	1,2 a	2,0 b	2,1 c	10,6 a	6,6 a
12	23-213-52-05	3043 c	14,4 e	138 c	99 c	3,0 d	2,8 a	0,9 a	1,5 b	1,3 b	18,9 b	11,5 a
12	23-213-51-05	2195 d	12,4 f	135 c	78 d	1,9 b	3,0 a	0,4 a	2,0 b	0,9 a	52,3 d	3,3 a
12	23-213-46-04	1834 e	13,0 f	134 c	82 d	2,3 c	2,9 a	0,6 a	2,0 b	1,0 a	52,6 d	13,3 a
13	23-213-61-01	3458 b	14,5 e	131 b	89 c	2,3 c	3,5 a	1,2 a	1,3 a	1,7 b	38,8 c	10,8 a
13	23-213-62-04	2860 c	15,9 d	146 d	123 a	1,7 b	2,7 a	0,7 a	1,8 b	1,0 a	130,7 d	10,5 a
13	23-213-57-03	2650 c	13,8 e	138 c	103 c	3,0 d	2,6 a	0,7 a	1,0 a	1,9 c	2,2 a	8,0 a
13	23-213-55-04	2620 d	13,5 e	137 c	87 d	2,2 c	2,8 a	1,0 a	1,3 a	1,0 a	11,3 a	4,6 a
13	23-213-54-01	1973 e	14,3 e	140 d	114 b	2,2 c	2,6 a	1,0 a	0,8 a	0,7 a	8,9 a	9,7 a
14	23-213-68-03	3530 b	16,4 c	136 c	82 d	2,1 b	3,2 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	10,2 a	5,0 a
14	23-213-69-03	3173 b	16,2 c	138 c	114 b	3,0 d	2,7 a	0,9 a	1,5 b	1,9 c	33,4 c	5,0 a
14	23-213-67-01	2753 c	15,6 d	128 b	87 d	1,7 b	3,6 a	1,0 a	1,3 a	1,3 b	22,0 b	3,0 a
14	23-213-73-02	2750 c	15,1 d	134 c	79 d	1,1 a	3,4 a	0,4 a	1,8 b	2,1 c	27,5 b	7,8 a
14	23-213-70-01	2658 c	14,8 d	139 c	82 d	1,3 a	3,4 a	0,4 a	1,3 a	1,7 b	3,9 a	6,5 a
15	23-214-02-03	3365 b	15,2 d	139 c	68 e	1,0 a	3,1 a	0,7 a	0,8 a	1,6 b	23,6 b	11,0 a
15	23-214-09-02	3285 b	16,4 c	145 d	73 e	1,3 a	3,1 a	0,4 a	1,5 b	1,4 b	20,4 b	0,6 a
15	23-214-05-04	3140 c	15,5 d	148 e	81 d	1,5 a	3,5 a	0,7 a	1,0 a	1,7 b	33,2 c	1,7 a
15	23-214-06-04	2457 d	15,7 d	140 d	65 e	1,2 a	2,7 a	0,9 a	1,0 a	1,6 b	78,6 d	9,9 a
15	23-214-07-04	2295 d	15,1 d	129 b	73 d	1,7 b	3,4 a	0,9 a	1,3 a	1,9 c	6,6 a	0,2 a

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
16	23-214-17-05	3448 b	16,3 c	140 d	70 e	1,0 a	3,1 a	0,9 a	1,3 a	2,0 c	30,2 c	8,8 a
16	23-214-18-03	3338 b	17,9 b	144 d	104 c	2,6 c	2,7 a	0,9 a	0,8 a	1,0 a	56,3 d	2,4 a
16	23-214-14-02	2753 c	14,4 e	139 c	69 e	1,2 a	2,9 a	0,9 a	1,3 a	1,5 b	0,2 a	8,3 a
16	23-214-13-02	2690 c	14,9 d	139 c	61 e	1,2 a	3,0 a	1,0 a	1,5 b	2,2 c	20,8 b	15,1 b
16	23-214-19-04	2140 d	13,9 e	142 d	81 d	1,5 a	2,9 a	0,7 a	1,5 b	1,7 b	29,0 b	5,6 a
17	23-214-26-02	3663 b	16,2 c	149 e	88 d	1,8 b	3,1 a	0,9 a	1,5 b	1,5 b	40,5 c	6,6 a
17	23-214-32-01	2815 c	14,5 e	131 b	71 e	1,8 b	3,2 a	0,9 a	1,8 b	1,7 b	30,5 c	1,9 a
17	23-214-29-02	2778 c	16,5 c	119 a	79 d	1,7 b	2,7 a	1,0 a	1,5 b	1,6 b	42,1 c	3,6 a
17	23-214-27-01	2413 d	14,8 d	118 a	74 d	1,2 a	3,1 a	0,6 a	1,8 b	2,0 c	84,3 d	9,2 a
17	23-214-25-04	1838 e	15,5 d	117 a	73 e	1,8 b	2,9 a	0,6 a	2,3 b	1,6 b	2,9 a	3,4 a
18	23-214-37-01	3683 b	16,4 c	146 d	133 a	2,3 c	2,7 a	1,2 a	1,8 b	2,2 c	49,7 d	2,7 a
18	23-214-40-03	3395 b	17,1 c	144 d	112 b	2,0 b	3,2 a	0,7 a	1,5 b	1,9 c	49,2 d	7,4 a
18	23-214-36-03	2790 c	14,6 d	138 c	97 c	2,4 c	3,2 a	0,9 a	1,3 a	1,7 b	6,7 a	6,8 a
18	23-214-38-05	2735 c	16,2 c	149 e	139 a	2,2 c	2,7 a	0,4 a	1,5 b	1,5 b	3,9 a	8,5 a
18	23-214-34-01	2073 e	16,2 c	145 d	121 b	2,3 c	3,0 a	1,2 a	1,8 b	1,5 b	24,3 b	18,4 b
19	23-214-47-02	3163 b	16,9 c	129 b	116 b	3,1 d	3,0 a	1,1 a	2,0 b	1,9 c	31,6 c	6,3 a
19	23-214-48-03	2983 c	14,1 e	139 c	88 d	2,5 c	3,1 a	0,7 a	1,5 b	1,5 b	15,6 b	6,0 a
19	23-214-43-04	2960 c	12,5 f	136 c	94 c	2,0 b	3,4 a	0,7 a	1,5 b	1,7 b	1,5 a	13,8 a
19	23-214-44-01	2797 c	15,6 d	140 d	106 b	2,4 c	3,1 a	1,2 a	1,8 b	1,7 b	54,1 d	7,2 a
19	23-214-49-05	2420 d	13,3 e	135 c	91 c	1,4 a	3,5 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	25,7 b	8,1 a
20	23-214-64-02	3193 b	16,1 c	138 c	113 b	1,6 b	3,2 a	1,1 a	1,8 b	2,2 c	3,6 a	5,9 a
20	23-214-57-04	2883 c	18,1 b	139 c	108 b	3,7 e	2,7 a	0,4 a	1,8 b	1,0 a	16,4 b	3,3 a
20	23-214-63-03	2650 c	15,4 d	125 b	92 c	2,3 c	3,5 a	1,2 a	1,3 a	1,3 b	14,4 a	4,1 a
20	23-214-56-01	2614 d	13,6 e	145 d	102 c	2,1 c	2,7 a	0,4 a	1,3 a	1,5 b	34,5 c	8,0 a
20	23-214-55-03	1835 e	16,1 c	138 c	113 b	2,1 c	2,7 a	0,6 a	1,3 a	1,7 b	19,7 b	7,0 a

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
21	23-214-65-05	3273 b	14,2 e	131 b	87 d	1,3 a	3,9 a	1,2 a	2,0 b	2,4 c	8,7 a	12,7 a
21	23-214-74-04	3103 c	15,7 d	138 c	87 d	1,3 a	3,4 a	0,9 a	2,0 b	2,4 c	15,6 b	6,6 a
21	23-214-68-05	3078 c	14,2 e	130 b	109 b	1,6 b	3,9 a	1,2 a	1,3 a	2,5 c	14,0 a	4,6 a
21	23-214-69-01	2888 c	15,9 d	137 c	66 e	1,7 b	3,0 a	1,2 a	1,8 b	2,5 c	15,6 b	4,3 a
21	23-214-67-03	2815 c	18,2 b	141 d	99 c	2,1 b	2,8 a	1,1 a	1,3 a	2,5 c	29,7 b	2,4 a
22	23-215-04-01	3323 b	15,3 d	133 c	69 e	1,8 b	3,1 a	1,0 a	1,8 b	2,2 c	24,3 b	5,4 a
22	23-215-05-04	3108 c	15,2 d	132 c	77 d	2,0 b	2,9 a	0,7 a	1,5 b	1,9 c	87,3 d	5,0 a
22	23-215-10-01	2965 c	15,4 d	135 c	85 d	2,4 c	2,9 a	0,4 a	1,3 a	0,9 a	50,2 d	11,9 a
22	23-215-06-05	2631 c	13,7 e	124 b	69 e	1,6 b	2,8 a	1,5 a	2,3 b	2,3 c	46,9 d	8,0 a
22	23-215-07-03	2630 c	16,1 c	123 a	70 e	1,1 a	3,2 a	0,7 a	2,3 b	3,0 c	31,3 c	9,2 a
23	23-215-21-03	3350 b	15,5 d	131 b	78 d	1,7 b	3,2 a	1,0 a	1,8 b	1,7 b	31,9 c	3,0 a
23	23-215-20-03	3163 b	14,9 d	136 c	83 d	1,7 b	3,4 a	0,4 a	1,5 b	2,5 c	15,6 b	6,4 a
23	23-215-11-04	3113 c	16,7 c	132 c	88 d	1,6 b	3,5 a	0,7 a	1,0 a	2,2 c	27,4 b	1,5 a
23	23-215-18-03	2525 d	14,2 e	128 b	77 d	1,6 b	3,0 a	0,7 a	1,3 a	3,0 c	24,0 b	2,2 a
23	23-215-16-05	2379 d	15,2 d	140 d	104 c	1,3 a	3,0 a	1,0 a	1,3 a	2,2 c	48,3 d	13,0 a
24	23-215-29-03	3478 b	17,2 c	133 c	86 d	2,1 b	3,0 a	1,2 a	1,0 a	2,5 c	18,5 b	8,9 a
24	23-215-32-05	2888 c	14,7 d	137 c	79 d	1,3 a	3,4 a	1,2 a	1,3 a	2,2 c	11,2 a	7,2 a
24	23-215-24-02	2650 c	15,1 d	134 c	89 c	2,4 c	3,1 a	0,7 a	1,8 b	1,7 b	35,5 c	12,3 a
24	23-215-25-05	2383 d	17,2 c	131 b	84 d	2,0 b	3,4 a	0,9 a	1,5 b	1,7 b	9,4 a	2,6 a
24	23-215-23-02	2225 d	14,5 e	138 c	76 d	1,5 a	3,1 a	1,0 a	1,3 a	2,4 c	33,6 c	9,1 a
25	23-215-38-04	2908 c	13,9 e	133 c	79 d	1,6 b	3,6 a	1,2 a	0,8 a	1,9 c	36,2 c	0,9 a
25	23-215-33-01	2868 c	16,1 c	137 c	74 d	1,5 a	3,2 a	1,0 a	2,0 b	2,4 c	35,3 c	4,2 a
25	23-215-41-05	2690 c	16,4 c	126 b	109 b	1,4 a	3,8 a	0,9 a	2,0 b	2,3 c	21,1 b	8,3 a
25	23-215-40-03	2508 d	14,8 d	123 a	104 c	1,2 a	4,0 a	0,4 a	1,8 b	1,9 c	3,9 a	8,1 a
25	23-215-37-01	2180 d	14,8 d	127 b	89 c	1,0 a	3,8 a	1,5 a	2,0 b	2,3 c	14,4 a	4,3 a

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR). Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF - PCS
26	23-215-44-04	2745 c	14,7 d	123 a	71 e	1,2 a	3,7 a	0,4 a	1,3 a	1,5 b	19,3 b	9,2 a
26	23-215-48-04	2734 c	14,1 e	137 c	87 d	1,7 b	3,6 a	0,9 a	1,0 a	1,7 b	36,3 c	14,1 a
26	23-215-43-02	2385 d	13,9 e	137 c	90 c	1,2 a	3,1 a	0,4 a	1,0 a	1,5 b	21,2 b	8,3 a
26	23-215-52-02	2228 d	15,7 d	130 b	74 d	1,7 b	3,3 a	0,7 a	1,0 a	1,2 b	19,3 b	0,5 a
26	23-215-47-02	2088 d	14,3 e	125 b	81 d	1,2 a	3,3 a	1,0 a	1,3 a	0,7 a	9,4 a	1,8 a
27	23-215-59-02	3928 a	17,9 b	138 c	83 d	1,4 a	3,5 a	0,8 a	1,5 b	2,2 c	9,7 a	8,4 a
27	23-215-57-01	2933 c	13,7 e	144 d	122 b	1,6 b	2,9 a	0,4 a	1,0 a	1,2 b	21,5 b	3,9 a
27	23-215-63-03	2783 c	15,5 d	133 c	73 e	1,5 a	2,9 a	0,7 a	0,8 a	1,5 b	28,6 b	6,7 a
27	23-215-56-01	2678 c	14,6 d	136 c	93 c	1,2 a	3,4 a	0,9 a	1,0 a	1,2 b	8,9 a	7,7 a
27	23-215-61-03	1678 e	13,7 e	124 a	72 e	1,2 a	3,1 a	0,6 a	0,8 a	1,9 c	10,1 a	7,3 a
28	23-215-73-03	3540 b	15,3 d	127 b	113 b	3,2 d	3,1 a	1,0 a	1,5 b	2,0 c	33,3 c	6,7 a
28	23-215-69-04	3358 b	16,9 c	128 b	113 b	3,0 d	3,0 a	0,9 a	2,0 b	1,5 b	5,9 a	14,0 a
28	23-215-72-02	2870 c	15,5 d	127 b	84 d	1,7 b	3,5 a	0,7 a	1,8 b	1,9 c	1,6 a	3,9 a
28	23-215-74-05	2778 c	16,6 c	126 b	111 b	3,2 d	3,1 a	0,6 a	2,3 b	1,7 b	5,2 a	5,9 a
28	23-215-65-02	2720 c	15,2 d	125 b	105 c	2,9 d	3,0 a	0,9 a	2,0 b	2,0 c	8,1 a	1,8 a
29	23-211-04-02	3753 a	15,8 d	138 c	84 d	1,0 a	3,9 a	0,4 a	1,5 b	2,2 c	37,0 c	8,0 A
29	23-211-08-01	3174 b	16,8 c	138 c	96 c	1,1 a	3,7 a	0,4 a	1,0 a	1,7 b	25,8 b	12,2 A
29	23-211-06-04	2778 c	15,4 d	119 a	76 d	1,1 a	3,4 a	0,4 a	1,8 b	3,0 c	8,4 a	0,4 A
29	23-211-03-05	2565 d	16,7 c	121 a	77 d	1,5 a	3,2 a	0,7 a	2,5 b	3,0 c	9,9 a	1,9 A
29	23-211-01-03	2548 d	21,9 a	122 a	71 e	1,2 a	3,2 a	0,9 a	1,8 b	2,0 c	34,6 c	37,6 C
30	23-211-20-02	3135 c	16,7 c	143 d	91 c	1,5 a	3,4 a	0,6 a	1,3 a	1,7 b	2,4 a	0,9 A
30	23-211-19-01	2743 c	14,3 e	129 b	71 e	1,0 a	3,2 a	0,7 a	1,5 b	1,5 b	5,1 a	5,1 A
30	23-211-21-01	2360 d	15 d	131 b	57 f	1,0 a	2,4 a	0,7 a	1,5 b	2,2 c	5,8 a	4,9 A
30	23-211-17-02	2097 d	16,1 c	133 c	49 f	1,0 a	1,8 a	0,9 a	1,8 b	2,6 c	17,9 b	4,0 A
30	23-211-13-01	1160 e	19,9 a	117 a	73 e	2,0 b	2,3 a	1,1 a	1,5 b	2,5 c	16,5 b	9,5 A

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF – PCS
31	23-211-26-04	3100 c	14,9 d	125 b	122 b	1,9 b	3,1 a	0,9 a	1,0 a	1,5 B	21,8 b	5,9 A
31	23-211-25-02	2728 c	15,9 d	118 a	79 d	1,2 a	3,0 a	0,7 a	2,0 b	1,2 a	30,0 b	10,0 A
31	23-211-28-01	2635 c	15,9 d	118 a	74 d	1,7 b	3,1 a	1,0 a	2,0 b	2,0 c	4,7 a	6,7 A
31	23-211-32-04	2058 e	15,4 d	117 a	69 e	1,8 b	2,3 a	0,7 a	2,0 b	2,0 c	22,8 b	3,4 A
31	23-211-31-04	1930 e	15,6 d	118 a	73 d	1,3 a	2,7 a	0,6 a	1,8 b	2,0 c	69,0 d	2,7 A
32	23-211-38-04	2770 c	15,3 d	126 b	89 c	1,2 a	3,6 a	0,9 a	1,8 b	2,6 c	7,2 a	14,2 A
32	23-211-35-02	2713 c	15,4 d	126 b	90 c	1,3 a	3,7 a	0,9 a	2,5 b	2,3 c	34,2 c	9,8 A
32	23-211-34-01	2633 c	15,1 d	126 b	92 c	1,3 a	3,6 a	0,9 a	1,8 b	2,2 c	45,4 d	8,1 A
32	23-211-37-03	2328 d	15,0 d	125 b	85 d	1,2 a	3,4 a	1,0 a	2,3 b	2,2 c	43,8 c	7,4 A
32	23-211-36-03	2280 d	15,4 d	126 b	87 d	1,5 a	3,3 a	0,7 a	2,0 b	2,0 c	5,1 a	10,4 A
33	23-211-53-04	3103 c	14,8 d	140 d	81 d	2,1 c	3,0 a	0,7 a	0,8 a	1,6 b	10,5 a	3,9 A
33	23-211-52-05	2689 c	15,7 d	123 a	108 b	2,4 c	3,1 a	0,4 a	1,3 a	1,5 b	67,6 d	0,8 A
33	23-211-51-01	2495 d	17,2 c	121 a	73 d	2,0 b	2,7 a	0,4 a	1,5 b	1,6 b	27,4 b	3,6 A
33	23-211-49-05	2323 d	18,3 b	122 a	79 d	1,5 a	2,8 a	0,7 a	2,0 b	1,3 b	37,9 c	8,8 A
33	23-211-50-02	2028 e	16,4 c	120 a	86 d	3,1 d	2,4 a	0,4 a	1,8 b	1,5 b	40,4 c	4,5 A
34	23-211-56-02	3585 b	18,5 b	149 e	99 c	1,7 b	3,2 a	0,7 a	1,0 a	1,5 b	33,8 c	2,6 A
34	23-211-58-01	2590 d	15,0 d	119 a	106 b	2,2 c	3,2 a	1,1 a	1,5 b	0,4 a	62,1 d	7,7 A
34	23-211-59-02	1998 e	16,1 c	124 b	99 c	2,2 c	3,2 a	1,0 a	1,3 a	2,0 c	71,0 d	7,2 A
34	23-211-63-04	1997 e	18,9 b	127 b	101 c	2,5 c	2,8 a	0,9 a	1,0 a	1,6 b	36,4 c	12,7 A
34	23-211-55-02	1725 e	18,3 b	124 b	71 e	1,2 a	2,7 a	1,0 a	1,5 b	2,0 c	7,3 a	2,8 A
35	23-211-72-05	2815 c	15,2 d	119 a	109 b	2,3 c	3,0 a	0,9 a	1,8 b	1,9 c	18,0 b	1,5 A
35	23-211-69-02	2765 c	17,2 c	140 d	108 b	1,8 b	3,0 a	0,7 a	1,3 a	1,7 b	8,3 a	7,4 A
35	23-211-73-02	2003 e	19,6 a	120 a	98 c	2,5 c	2,2 a	0,9 a	2,0 b	1,6 b	4,6 a	4,8 A
35	23-211-71-04	1838 e	18,2 b	122 a	87 d	2,0 b	3,0 a	1,4 a	1,8 b	2,2 c	6,2 a	1,6 A
35	23-211-66-02	1763 e	16,8 c	119 a	79 d	2,2 c	2,6 a	1,1 a	2,3 b	2,0 c	18,8 b	14,1 A

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR). Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF – PCS
36	23-216-03-04	3663 b	14,6 e	141 d	79 d	1,8 b	3,0 a	0,4 a	1,3 a	1,9 c	67,1 d	8,5 A
36	23-216-05-02	3398 b	16,1 c	137 c	86 d	2,2 c	3,0 a	0,7 a	1,0 a	1,1 a	8,7 a	2,5 A
36	23-216-07-01	3238 b	17,7 b	146 d	89 c	1,7 b	3,5 a	0,4 a	1,5 b	2,2 c	16,6 b	6,4 A
36	23-216-08-03	3003 c	15,5 d	130 b	68 e	1,4 a	2,9 a	0,7 a	1,5 b	2,2 c	36,5 c	2,6 A
36	23-216-10-02	2880 c	15,3 d	125 b	85 d	2,1 b	2,7 a	0,7 a	1,5 b	1,6 b	27,1 b	8,6 A
37	23-216-19-03	3445 b	13,7 e	127 b	71 e	1,1 a	3,4 a	0,4 a	1,5 b	0,9 a	9,6 a	9,2 A
37	23-216-14-02	2998 c	12,4 f	127 b	75 d	1,1 a	3,6 a	0,7 a	1,5 b	1,4 b	44,2 c	2,4 A
37	23-216-12-05	2828 c	15,2 d	126 b	96 c	1,3 a	3,1 a	0,9 a	1,3 a	2,0 c	50,9 d	2,1 A
37	23-216-16-03	2708 c	15,3 d	138 c	99 c	2,0 b	2,7 a	0,9 a	1,5 b	1,3 b	34,5 c	5,6 A
37	23-216-20-04	1905 e	14,3 e	129 b	94 c	1,7 b	2,7 a	0,7 a	1,5 b	2,3 c	4,0 a	5,5 A
38	23-216-31-01	2740 c	13,3 e	126 b	83 d	2,1 b	3,0 a	0,7 a	2,0 b	2,3 c	45,8 d	13,2 A
38	23-216-29-02	2633 c	15,5 d	127 b	73 e	1,2 a	3,4 a	0,9 a	0,8 a	1,2 a	14,4 a	6,0 A
38	23-216-32-04	2613 d	15,8 d	128 b	87 d	1,2 a	4,1 a	1,1 a	1,5 b	2,4 c	6,6 a	4,7 A
38	23-216-25-04	2468 d	15,5 d	126 b	69 e	1,5 a	2,8 a	0,7 a	1,5 b	1,6 b	29,3 b	3,7 A
38	23-216-27-04	2085 d	14,3 e	122 a	65 e	1,6 b	2,7 a	0,7 a	1,8 b	3,0 c	8,7 a	0,7 A
39	23-216-36-02	3445 b	14,6 e	126 b	116 b	1,2 a	4,2 a	1,2 a	1,0 a	1,6 b	5,9 a	7,1 A
39	23-216-34-01	3083 c	13,7 e	143 d	116 b	1,7 b	3,1 a	0,7 a	1,5 b	1,0 a	7,5 a	7,0 A
39	23-216-37-05	2915 c	14,8 d	144 d	135 a	2,1 b	3,0 a	1,7 a	1,0 a	1,0 a	6,5 a	11,9 A
39	23-216-39-03	2448 d	13,8 e	125 b	128 a	1,6 b	3,6 a	1,1 a	1,0 a	1,3 b	29,8 b	13,8 A
39	23-216-41-01	2133 d	13,2 e	133 c	88 d	1,4 a	3,3 a	0,9 a	2,3 b	2,0 c	74,9 d	10,9 A
40	23-216-53-03	3468 b	13,5 e	133 c	99 c	2,0 b	4,0 a	0,9 a	1,3 a	1,2 b	29,7 b	7,9 A
40	23-216-48-05	3300 b	13,0 f	134 c	89 c	1,9 b	4,0 a	0,7 a	1,3 a	1,2 b	16,3 b	2,7 A
40	23-216-49-02	3290 b	13,1 f	133 c	94 c	1,6 b	4,2 a	1,0 a	1,0 a	1,0 a	5,0 a	0,6 A
40	23-216-50-02	2805 c	12,5 f	137 c	99 c	3,4 e	2,7 a	0,6 a	0,5 a	0,7 a	19,5 b	11,0 A
40	23-216-51-01	2615 d	13,9 e	133 c	76 d	1,6 b	3,2 a	0,7 a	1,5 b	1,5 b	31,4 c	13,8 A

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(continuação)

CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF – PCS
41	23-216-61-03	3348 b	13,7 e	132 c	121 b	1,6 b	3,6 a	0,4 a	1,3 a	1,4 b	8,5 a	2,7 A
41	23-216-57-03	2930 c	17,2 c	140 d	99 c	2,4 c	3,0 a	1,2 a	1,3 a	1,5 b	4,9 a	4,7 A
41	23-216-59-04	2900 c	13,5 e	144 d	124 a	2,2 c	3,1 a	0,4 a	1,3 a	1,5 b	11,6 a	6,1 A
41	23-216-55-01	2500 d	14,3 e	131 b	114 b	2,0 b	3,5 a	0,7 a	1,8 b	1,5 b	17,0 b	4,2 A
41	23-216-58-02	2163 d	13,7 e	132 c	129 a	3,0 d	2,7 a	0,9 a	1,8 b	1,2 b	25,0 b	9,4 A
42	23-216-69-05	3000 c	13,6 e	132 c	116 b	3,5 e	2,7 a	0,6 a	1,5 b	1,9 c	10,5 a	1,8 A
42	23-216-65-03	2768 c	13,9 e	127 b	111 b	2,8 d	2,8 a	0,4 a	2,0 b	1,9 c	21,8 b	0,8 A
42	23-216-73-05	2490 d	14,0 e	132 c	111 b	2,1 b	3,1 a	1,2 a	1,8 b	1,5 b	18,4 b	8,3 A
42	23-216-67-02	2335 d	14,8 d	131 b	114 b	3,3 e	2,7 a	0,9 a	1,5 b	1,7 b	2,5 a	8,3 A
42	23-216-66-02	2311 d	14,3 e	126 b	119 b	3,2 d	2,6 a	1,0 a	1,5 b	1,5 b	72,6 d	6,4 A
43	23-217-08-03	3480 b	16,9 c	140 d	89 c	1,6 b	3,7 a	0,7 a	1,0 a	1,2 b	36,8 c	3,0 A
43	23-217-02-01	3465 b	15,3 d	139 c	81 d	1,2 a	4,1 a	0,4 a	1,5 b	1,5 b	5,1 a	2,4 A
43	23-217-06-03	3298 b	14,6 e	138 c	78 d	1,1 a	4,1 a	0,4 a	1,3 a	1,9 c	18,0 b	9,7 A
43	23-217-10-03	3198 b	14,9 d	136 c	89 c	1,3 a	4,2 a	0,4 a	1,3 a	1,7 b	15,4 b	2,9 A
43	23-217-09-03	2888 c	16,6 c	143 d	91 c	1,6 b	4,0 a	0,7 a	1,5 b	1,2 b	21,6 b	12,6 A
44	23-217-12-03	3188 b	15,4 d	141 d	78 d	1,7 b	3,1 a	0,6 a	1,8 b	1,2 b	4,5 a	6,4 A
44	23-217-16-04	3123 c	16,2 c	126 b	74 d	1,2 a	3,5 a	1,0 a	1,3 a	2,0 c	9,3 a	6,1 A
44	23-217-20-04	3073 c	15,4 d	130 b	79 d	1,8 b	3,2 a	0,4 a	0,8 a	1,0 a	19,4 b	12,7 A
44	23-217-14-02	2495 d	14,8 d	122 a	94 c	1,8 b	2,8 a	0,7 a	1,3 a	1,5 b	27,6 b	1,4 A
44	23-217-13-04	2353 d	15,1 d	141 d	71 e	1,1 a	3,0 a	1,2 a	1,3 a	1,1 a	29,7 b	1,3 A
45	23-217-24-03	3765 a	16,1 c	138 c	81 d	1,1 a	3,9 a	0,4 a	1,0 a	1,2 b	21,9 b	13,4 A
45	23-217-29-01	3600 b	16,1 c	138 c	81 d	1,3 a	4,4 a	0,9 a	1,5 b	2,2 c	14,2 a	7,8 A
45	23-217-26-05	3568 b	15,6 d	138 c	78 d	1,2 a	4,1 a	0,7 a	1,3 a	1,9 c	13,7 a	3,9 A
45	23-217-28-04	3368 b	15,8 d	139 c	79 d	1,2 a	4,0 a	0,4 a	1,3 a	1,0 a	21,0 b	14,5 A
45	23-217-23-03	3254 b	15,8 d	137 c	79 d	1,1 a	4,0 a	0,6 a	1,5 b	1,2 b	5,2 a	14,6 A

Tabela 44 –Resumos das médias ajustadas¹ das 245 linhagens experimentais (L.E.) obtidas na geração F_{5:7}, agrupadas por cruzamento (CR).
Piracicaba (ESALQ e Areão), 2013/14.

(conclusão)												
CR	L.E.	PG	PCS	NDM	APM	AC	VA	NF1	NF2	NF3	TRF - PG	TRF – PCS
46	23-217-34-03	3903 a	15,6 d	138 c	83 d	1,1 a	4,4 a	0,8 a	1,5 b	2,0 c	52,9 d	78 A
46	23-217-33-01	3303 b	18,3 b	136 c	111 b	1,5 a	3,9 a	0,6 a	0,8 a	1,5 b	15,2 b	135 A
46	23-217-35-02	3253 b	14,1 e	138 c	78 d	1,0 a	4,1 a	0,4 a	1,3 a	1,5 b	7,0 a	89 A
46	23-217-39-03	2594 d	14,7 d	125 b	84 d	2,3 c	3,0 a	1,4 a	1,8 b	2,2 c	11,6 a	75 A
46	23-217-37-02	2428 d	15,8 d	131 b	99 c	1,0 a	3,7 a	0,7 a	1,8 b	2,2 c	15,7 b	177 B
47	23-217-53-05	4228 a	15,4 d	137 c	93 c	1,7 b	4,1 a	0,9 a	1,8 b	1,3 b	19,9 b	129 A
47	23-217-51-05	3740 a	14,1 e	138 c	88 d	2,0 b	3,6 a	1,5 a	1,3 a	1,5 b	2,5 a	128 A
47	23-217-49-04	3740 a	13,4 e	139 c	81 d	2,1 b	3,5 a	1,1 a	2,0 b	1,9 c	20,7 b	33 A
47	23-217-47-01	3518 b	13,7 e	135 c	74 d	1,6 b	3,9 a	0,4 a	1,8 b	1,5 b	13,0 a	97 A
47	23-217-43-05	2453 d	14,2 e	136 c	81 d	2,1 b	3,0 a	0,7 a	1,3 a	1,5 b	14,2 a	19 A
48	23-217-62-01	3265 b	12,9 f	135 c	118 b	1,7 b	3,7 a	0,7 a	1,3 a	1,5 b	9,0 a	20 A
48	23-217-58-03	3030 c	13,8 e	135 c	116 b	1,9 b	3,3 a	0,9 a	1,5 b	1,6 b	16,8 b	88 A
48	23-217-56-03	2663 c	13,4 e	131 b	109 b	1,8 b	3,2 a	0,7 a	1,5 b	1,6 b	33,5 c	34 A
48	23-217-55-04	2558 d	15,6 d	137 c	106 b	1,7 b	3,4 a	0,4 a	1,3 a	1,9 c	40,5 c	60 A
48	23-217-63-04	2398 d	13,2 e	136 c	103 c	1,9 b	2,6 a	0,6 a	1,5 b	1,7 b	0,5 a	31 A
49	23-217-68-02	3918 a	15,5 d	138 c	86 d	1,1 a	4,1 a	0,9 a	1,3 a	1,1 a	16,2 b	08 A
49	23-217-73-01	3223 b	14,2 e	137 c	89 c	1,7 b	4,0 a	1,2 a	2,0 b	1,1 a	12,2 a	06 A
49	23-217-69-04	3083 c	15,2 d	125 b	114 b	2,3 c	3,5 a	0,7 a	1,5 b	1,0 a	1,1 a	24 A
49	23-217-65-04	2903 c	15,2 d	125 b	116 b	2,1 c	3,7 a	1,2 a	1,8 b	1,2 b	0,0 a	00 A
49	23-217-65-03	2610 d	16,0 c	123 a	99 c	2,8 d	3,0 a	0,7 a	1,5 b	1,5 b	1,5 a	53 A
GERAL	Média	2780	15,5	133	89	1,8	3,2	0,8	1,4	1,7	22,5	64
	Desvio Padrão	540	1,5	8	17	0,6	0,4	0,3	0,4	0,5	18,8	45
	Máximo	4228	21,9	149	139	3,7	4,4	1,7	2,5	4,0	130,7	376
	Mínimo	1160	12,4	116	49	1,0	1,8	0,4	0,5	0,2	0	00

¹ Unidades: PG (kg.ha⁻¹); PCS (g); NDM (dias); APM (cm); VA, NF1, NF2 e NF3 (notas); TRF-PG e TRF-PCS (%).

² Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo método de Scott e Knott a 10% de probabilidade.

ANEXO B – Figuras

Figura 1 -Escala diagramática proposta para avaliação da severidade da ferrugem de acordo com a área foliar afetada (GODOY; KOGA; CANTERI, 2006)

Figura 2 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica produtividade de grãos (PG) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante quatro anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante quatro anos kg.ha^{-1} (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em quatro anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos quatro anos de avaliação (D)

Figura 3 -Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica peso de cem sementes (PCS) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante quatro anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante quatro anos - em g (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em quatro anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos quatro anos de avaliação (D)

Figura 4 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica número de dias para maturidade (NDM) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante três anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante três anos - dias (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em três anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos três anos de avaliação (D)

Figura 5 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica altura de plantas na maturidade (APM) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante três anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante três anos - cm (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em três anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos três anos de avaliação (D)

Figura 6 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica acamamento (AC) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante três anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante três anos - notas (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em três anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos três anos de avaliação (D)

Figura 7 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica valor agrônômico (VA) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas durante três anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas durante três anos - notas (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em três anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos três anos de avaliação (D)

Figura 8 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica primeira nota de ferrugem (NF1) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas em dois anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas em dois anos - notas (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro do cruzamento em dois anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos dois anos de avaliação (D)

Figura 9 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica segunda nota de ferrugem (NF2) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas em dois anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas em dois anos- notas (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro em dois anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos dois anos de avaliação (D)

Figura 10 - Gráficos demonstrativos do comportamento dos genótipos avaliados para a característica terceira nota de ferrugem (NF3) ao decorrer dos anos agrícolas/gerações: Variâncias dentro de cruzamentos e testemunhas em dois anos (A); Médias de cruzamentos e testemunhas em dois anos - notas (B); Número de cruzamentos que apresentaram variação dentro em dois anos (C); Herdabilidade no sentido amplo (%) nos dois anos de avaliação (D)