UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA CURSO DE BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E REAÇÃO DE LINHAGENS E CULTIVARES DE SOJA AO OÍDIO (*Erysiphe diffusa*) EM CASA DE VEGETAÇÃO

Gabriel da Silva Lemes

Monografia apresentada à Coordenação do Curso de Biotecnologia, da Universidade Federal de Uberlândia, para obtenção do grau de Bacharel em Biotecnologia.

Uberlândia - MG Agosto - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA CURSO DE BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E REAÇÃO DE LINHAGENS E CULTIVARES DE SOJA AO OÍDIO (*Erysiphe diffusa*) EM CASA DE VEGETAÇÃO

Gabriel da Silva Lemes

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Monografia apresentada à Coordenação do Curso de Biotecnologia, da Universidade Federal de Uberlândia, para obtenção do grau de Bacharel em Biotecnologia.

Uberlândia - MG Agosto - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA CURSO DE BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E REAÇÃO DE LINHAGENS E CULTIVARES DE SOJA AO OÍDIO (*Erysiphe diffusa*) EM CASA DE VEGETAÇÃO

Gabriel da Silva Lemes

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira Instituto de Genética e Bioquímica

Homologado pela Coordenação do Curso de Biotecnologia em __/_/__

Profa. Dra Ana Paula Oliveira Nogueira

Uberlândia - MG Agosto - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA INSTITUTO DE GENÉTICA E BIOQUÍMICA CURSO DE BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E REAÇÃO DE LINHAGENS E CULTIVARES DE SOJA AO OÍDIO (*Erysiphe diffusa*) EM CASA DE VEGETAÇÃO

Gabriel da Silva	Lemes
Aprovado pela Banca Examinadora em:	:// Nota:
	Presidente da Banca Examinadora
	Profa. Dr ^a . Ana Paula Oliveira Nogueira
Uberlândia, de	de

Ao meu pai, Edivaldo Lemes Rodrigues À minha namorada, Cassiana Maurer À minha mãe, Rosália Silva Abreu Ao meu irmão, Felipe Augusto Lemes À minha avó, Laudelina de Fátima Rodrigues

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao meu pai, Edivaldo, por toda dedicação, esforço e empenho para que eu pudesse concluir meus estudos com êxito.

À minha mãe Rosália, por todo apoio, paciência e companheirismo nos momentos mais difíceis.

Ao meu irmão, Felipe, por sempre acreditar nos meus sonhos e sempre me apoiar.

À minha avó, Laudelina, por todo apoio, compreensão e auxílio nas horas de dificuldade.

À minha namorada, Cassiana Maurer, por todo o apoio e auxílio prestados durante todo o percurso da minha formação.

Aos meus amigos, da bateria, que me ajudaram durante estes anos, com quem formei muitos vínculos de amizade.

À professora Ana Paula, por ter acreditado em meu trabalho e por me oferecer o material para que eu pudesse desenvolver o presente trabalho.

Ao Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, por ter fornecido a infraestrutura e o conhecimento prático que contribuíram para a realização desta monografia.

À equipe do Programa de Melhoramento Genético de Soja , por ter me auxiliado em todas as avaliações, pelas amizades feitas, e pelo espírito de equipe de todos.

À Universidade Federal de Uberlândia, por ter me concedido espaço, conhecimento que tem extrema importância tanto em minha formação profissional como pessoal.

À oitava turma de biotecnologia, pelas amizades feitas, pelas trocas de conhecimento e pelo companheirismo incondicional.

Muito Obrigado!

RESUMO

As doenças fúngicas que acometem a soja são representadas por ampla gama de patógenos que diminuem a produtividade dos grãos causando enormes prejuízos à agricultura. Dentre elas podemos destacar o oídio que se desenvolve na superfície foliar na forma de esporos e diminui a taxa fotossintética da planta. O uso do melhoramento genético para resistência a doenças é importante na identificação de genótipos resistentes, além da predição de possíveis cruzamentos que agreguem vigor e alta produção para as características desejadas. O objetivo do trabalho foi avaliar genótipos para caracteres agronômicos e reação ao oídio e determinar a divergência genética para fim de seleção de genitores. O experimento foi realizado em casa de vegetação da Fazenda Capim Branco pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). Avaliaram-se oito genótipos no total, sendo quatro cultivares (UFUS 7415, UFUS 8310, UFUS 6901 e UFUS 7910) e duas linhagens (UFUS LTK e UFUS L78) desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e duas testemunhas (BR MG 46 Conquista) e (BRS Jiripoca). Verificou-se a existência de variabilidade genética para os caracteres agronômicos NDF, NDM, APF, APM, NNM, AIPV, VG2, VG3, NTV, NSV, AACPD, PROD além do nível de infecção para oídio (OÍDIO). Os caracteres OÍDIO, NDM e AACPD apresentaram H² maiores do que 89%. Os genótipos UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS L78 e BR MG 46 Conquista obtiveram as maiores produtividades de grãos. Os genótipos foram agrupados pelo método de Tocher no qual obteve a formação de três grupos e pelo método de UPGMA pelo qual foram formados dois grupos. O caráter NDM foi o que mais contribuiu para a diversidade genética entre os genótipos. As hibridações promissoras para a obtenção de progênies mais tolerantes ao oídio e com maior produção foram UFUS L78 x UFUS 8310, UFUS 7801 x UFUS 7910 e UFUS 7801 x BR MG 46 Conquista.

Palavras-chave: Doenças; Diversidade genética; Resistência a doenças.

ABSTRACT

The fungal diseases that attack the soy are represented by a scale of pathogens that reduce the productivity of the grains causing a higher damage to the agriculture. Among them we can highlit powdery mildew that develops itself in the leaf surface in form of spores reducing the photosynthetic rate of the plant. The genetical enhancement use for the diseases resistance is important to identifying the resistant's genotypes beyond the prediction of a possible crossing that improve force and a better production for the desirable caracteristics. The work's objective was evaluating cultivars for agronomic characters and evaluate the reaction to powdery mildew and determine the genetic divergence for the selection of parents. The experiment was performed in the vegetation's house of Fazenda Capim Branco that is part from the Federal University of Uberlandia. They were evaluated eight genotypes in total, being four cultivars (UFUS 7415, UFUS 8310, UFUS 6901 e UFUS 7910) and two lineages (UFUS LTK e UFUS 7801) developed by the Genetic Improvement Program of Soy of UFU and two witnesses (BR MG 46 Conquista) and (BRS Jiripoca). It was verified the existence of genetic variability for all the agronomic traits NDF, NDM, APF, APM, NNM, AIPV, VG2, VG3, NTV, NSV, AACPD, PROD besides the level of infection for powdery mildew (POWDERY MILDEW). The characters OIDIO, NDM e AACPD showed H2 higher than 89%. The genotypes UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS L78 e BR MG 46 Conquista obtained the highest grain yields. The genotypes were grouped using the Tocher no method resulting in the formation of three groups and using the UPGMA method that result in two other groups. The NDM character was the one that more contributed for the genetic diversity among the genotypes. The promising hybridizations for a set of more powdery tolerant progenies with higher production were UFUS L78 x UFUS 8310, UFUS 7801 x UFUS 7910 e UFUS 7801 x BR MG 46 Conquista.

Key Words: Diseases; Genetic diversity; Disease's resistance.

SUMÁRIO

1.	INTI	RODUÇÃO	1
2.		TSÃO BIBLIOGRÁFICA	
	2.1.	Origem e histórico da soja no Brasil e no Mundo	
	2.2.	Aspectos botânicos e morfológicos	
	2.3.	Diversidade Genética em Soja	
	2.4.	Melhoramento Genético de Soja	8
	2.5.	Melhoramento Genético para resistência à doença	9
	2.6.	Oídio (Erysiphe diffusa)	10
3.	OBJ	ETIVOS	13
4.	MA	TERIAL E MÉTODOS	13
	4.1.	Instalação do Experimento	13
	4.2.	Material Genético	15
	4.3.	Avaliações e Análises	15
5.	RES	ULTADOS E DISCUSSÃO	18
6.	CON	ICLUSÕES	31
7.	REF	ERÊNCIAS	32

1. INTRODUÇÃO

A soja é uma das principais culturas produzidas no Brasil e no mundo. Utilizada desde os primórdios da raça humana, no Brasil ela se destaca porque contribui para a economia nacional sendo responsável por significativa parcela do PIB (Produto Interno Bruto) nacional. Desta forma, o país se configura como um dos maiores produtores e exportadores mundiais do grão, segundo o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2018).

O avanço do cultivo da soja no território nacional ocorreu devido ao desenvolvimento de novas tecnologias de produção e ao melhoramento genético que, continuamente, desenvolve cultivares adaptadas às diversas condições agroclimáticas existentes no país, com maior produtividade e resistência genética aos principais patógenos (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). Assim, é necessário dar continuidade ao processo de melhoramento para que as novas demandas que surgem do mercado e dos produtores sejam atendidas (BEZERRA et al., 2015).

Os programas de melhoramento genético são constituídos por três fases principais: hibridação entre genitores de alto desempenho e geneticamente divergentes a fim de obter populações segregantes; seleção dos indivíduos superiores e a avaliação do desempenho das linhagens selecionadas (PARRA et al., 2011).

A seleção de genitores é uma etapa essencial num programa de melhoramento para garantir a obtenção de uma população segregante com alto potencial para seleção. Nesse sentido, o estudo da diversidade genética auxilia o melhorista na verificação da distância genética entre as cultivares proporcionando a identificação de bons genitores para futuras hibridações (BEZERRA et al.,2015).

Os principais caracteres visados pelo melhoramento genético, dentre eles a produtividade, possuem natureza quantitativa. Este fator dificulta o processo de seleção pelo fato dessas características serem reguladas por vários genes (ALMEIDA et al., 2013). Dessa

forma, a produção de grãos está entre os principais objetivos do melhoramento de soja, porém, é necessário avaliar os demais caracteres para que a cultivar desenvolvida seja superior. Para garantir a produtividade e estabilidade da produção é preciso que a cultivar apresente ciclo de reprodução e porte adequados, além de resistência a doenças (LEITTE et al., 2016).

A resistência a doenças é uma característica altamente visada num programa de melhoramento porque a cultura da soja é amplamente acometida por diversos patógenos que diminuem a produção e prejudicam o desenvolvimento da planta. As doenças fúngicas foliares recebem atenção especial, pois apresentam disseminação facilitada além de atrapalhar o potencial produtivo da soja (LEITTE et al., 2016).

Dentre essas doenças, o oídio, causado pelo fungo *Erysiphe diffusa*, foi observado pela primeira vez em plantações brasileiras em Minas Gerais e no Distrito Federal e atualmente pode ser encontrado em todas as regiões que contêm lavouras de soja no país, de acordo com a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA (2013).

A infecção por oídio pode ocorrer em qualquer estádio de desenvolvimento da planta e geralmente é observada no início da floração vegetal (IGARASHI et al., 2010). A doença ataca as folhas, vagens e hastes sendo de fácil disseminação. O fungo é responsável pela diminuição da taxa fotossintética da planta, causando como consequência danos à produtividade e ao vigor (BEDENDO, 2011).

Assim, o objetivo do presente trabalho é mensurar a reação dos genótipos de soja do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU quanto à infecção do oídio, bem como a avaliação do desempenho dos caracteres agronômicos e da diversidade genética existente para estas características para a predição de futuros bons genitores.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Origem e histórico da soja no Brasil e no Mundo

A soja (*Glycine max (L.) Merrill*) é originária da China, mais precisamente de uma região denominada Manchúria. Seu primeiro uso como alimento data de mais de 5.000 anos atrás como matéria-prima para a produção de tofu (leite de soja coalhado), pelos chineses, fazendo parte da dieta básica desse povo por milhares de anos. Ao longo do tempo, devido a cruzamentos naturais, a soja passou pelo processo de domesticação e melhoramento, tornando-se bastante diferente principalmente em relação à sua produtividade e às características agronômicas. Com isso a soja foi difundida para o sul da China, indo posteriormente para a Coreia e Japão, ganhando espaço no continente asiático (SEDIYAMA et al., 2013).

A expansão mundial da cultura da soja ocorreu de forma lenta. Com a época das grandes navegações ela surgiu no ocidente no final do século XV. No século XVIII, pesquisadores europeus iniciaram estudos para a utilização da soja como matéria-prima para produção de óleo vegetal e como nutriente animal presente na composição de rações. Seu cultivo comercial só se deu no início do século XX nos Estados Unidos. No entanto, nos anos 1920 essa leguminosa passou a chamar a atenção das indústrias mundiais devido ao seu alto teor de óleo e proteína do grão (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Em 1822, a soja foi introduzida no Brasil, primeiramente no estado da Bahia onde foram realizados os primeiros ensaios, e logo após foi levada para o estado de São Paulo, seguido do Rio Grande do Sul. Sendo assim, na década de 1950, alguns fatores como solo muito fértil e condições ambientais favoráveis, além de políticas públicas que incentivavam o desenvolvimento agrícola, possibilitaram que as primeiras grandes lavouras de soja se constituíssem no Brasil (EMBRAPA, 2013).

A década de 1970 foi um marco para o desenvolvimento da soja no país. A revolução verde na agricultura possibilitou o surgimento e disseminação de novas sementes e práticas agrícolas que incluíam a mecanização, uso de fertilizantes e agrotóxicos levando ao aumento da produção. Nesta mesma década a soja ganhou grande visibilidade no Brasil ocasionando grandes impactos na economia e na expansão das suas áreas de cultivo para outras regiões como o Centro-Oeste devido a fatores climáticos e ao uso de cultivares adaptadas (ALVES e TEDESCO, 2016).

No início, o estabelecimento de soja no Centro-Oeste passou por dificuldades visto que o solo era mais arenoso, mais ácido, sendo menos propício ao plantio da leguminosa. Nessa época, destacou-se o trabalho de pesquisa e criação de novas tecnologias pela EMBRAPA que se consolidou como forte aliada no estabelecimento da soja no país através do desenvolvimento de sementes resistentes (MARCONATO, 2014).

Na década de 1980, o cultivo da planta migrou para o Distrito Federal e para os estados como Mato Grosso, Rondônia e Acre. Já na década de 1990, a soja chegou ao Nordeste. Desde então, a soja se mantém no mercado brasileiro, juntamente com o milho, no topo das culturas utilizadas no setor agrícola brasileiro (MARCONATO, 2014).

2.2. Aspectos botânicos e morfológicos

A soja é uma leguminosa pertencente à família *Fabaceae*. É também da classe das angiospermas dicotiledôneas, possuindo dois ou mais cotilédones, que são folhas modificadas formadas no embrião responsáveis pela nutrição embrionária da semente (DE SOUZA et al., 2014).

Apresenta sistema radicular pivotante, composto por uma raiz principal maior que penetra verticalmente no solo e da qual partem raízes laterais e menores denominadas

ramificações, que são ricas em nódulos de bactérias fixadoras de nitrogênio auxiliando no desenvolvimento da planta (SEDIYAMA e OLIVEIRA, 2016).

O caule é ereto e apresenta diversas ramificações, podendo variar de tamanhos entre 0,60cm a 1,50 cm. Seus ramos inferiores são alongados e formam diferentes ângulos com a haste principal (SEDIYAMA e OLIVEIRA, 2016).

Suas folhas se distribuem de forma alternada, são longas, pecioladas e compostas por três folíolos que podem apresentar a forma ovalada ou lanceolada. A partir do desenvolvimento da planta, as folhas amarelam na medida em que as vagens amadurecem. As vagens podem ser achatadas, ter de um a quatro grãos e apresentam pubescência nas cores cinza, marrom e marrom claro. Essa característica genética, assim como outras, é de extrema importância por auxiliar na diferenciação das cultivares (SILVA et al., 2015).

Os grãos da soja por sua vez podem ter forma arredondada e podem apresentar coloração variada como amarelada e preta. As cores de seus hilos variam de acordo com a característica genética de cada cultivar e também auxiliam na diferenciação entre as cultivares (SILVA et al., 2015).

A soja é uma planta autógama, ou seja, que preferencialmente realiza autofecundação com uma taxa igual ou superior a 95% e possui como característica marcante a homozigose. Dependendo de fatores como presença de insetos polinizadores, vento, umidade e temperatura pode ocorrer uma pequena taxa de fecundação cruzada (BEZERRA et al.,2015).

Seu ciclo de vida pode variar bastante (70 a 200 dias) dependendo das características genéticas de cada cultivar. Desta forma podem ser classificadas como: precoces, semiprecoces, médias, semitardias e tardias de acordo com a faixa de adaptação da cultivar (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A soja possui dois estádios de desenvolvimento, o vegetativo, representado pela letra V, que consiste desde a emergência da plântula até o período que antecede o aparecimento da primeira flor, e o estado reprodutivo, representado pela letra R, representado desde o início da floração até a maturação da planta (DE SOUZA et al., 2014).

2.3. Diversidade Genética em Soja

A diversidade genética é definida como a soma de informações genéticas contidas no genoma das plantas, dos animais e microrganismos. Todos os seres têm uma quantidade de informação individual. O valor dessa diversidade relaciona-se com a variedade de diferentes genes que podem se expressar nos organismos com características potencialmente úteis (RIGON et al., 2012).

O estudo da diversidade genética tem como objetivo elucidar relações genéticas, quantificar ou predizer o nível de variabilidade total existente e a sua distribuição entre os genótipos (JÚNIOR et al., 2015).

Em programas de melhoramento a diversidade genética pode ser usada para identificar combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigoze de forma que em suas gerações segregantes haja maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (PARRA et al., 2011). Para o sucesso de um programa de melhoramento deve existir variabilidade genética. O estudo da diversidade também pode ser usado para mensurar a base genética existente, visto que o uso continuado das mesmas cultivares superiores pode causar uniformidade genética, fato que prejudica o processo de melhoramento (RIGON et al., 2012). Os processos preditivos consideram diferenças morfológicas, fisiológicas, moleculares e são os mais usados, pois dispensam a obtenção prévia de híbridos. Dentre os processos preditivos destacam-se os métodos de agrupamento, as análises por componentes principais e análises de variáveis canônicas (RIGON et al., 2012). Os métodos de agrupamento separam um grupo original em subgrupos para obter homogeneidade dentro dele e heterogeneidade entre eles. Estes métodos se subdividem em métodos baseados em modelo e métodos baseados em

distância. Os métodos baseados em distância são mais usados e são divididos em hierárquicos e não hierárquicos (SANTOS et al., 2011).

Os métodos preditivos de agrupamentos hierárquicos são os mais utilizados no melhoramento. Eles envolvem uma série de processos que se repetem em vários níveis até o estabelecimento de um diagrama em árvore onde genótipos são agrupados de acordo com a distância genética (CRUZ; REGAZZI e CARNEIRO, 2012). Como exemplo desse método pode-se citar o método de agrupamento UPGMA (ligação média entre grupos).

No método UPGMA a distância entre dois grupos é definida como a média das distâncias entre todos os pares de objetos de um grupo com outro e, este método tende a combinar pequenos grupos com pequena variação interna, bem como grupos com a mesma variância (FERRAUDO, 2014).

Os métodos não hierárquicos são divididos em métodos convergentes e de otimização. Os convergentes são baseados em função discriminante, diferenciando os genótipos e distribuindo-os em grupos conhecidos. Os de otimização dividem genótipos em subgrupos mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma condição préestabelecida (SANTOS et al., 2011).

A análise por componentes principais é um método de redução de dados usado para esclarecer a relação entre dois ou mais indivíduos. Nessa análise a variância total é dividida por um número limitado de novas variáveis não correlacionadas.

Batista et al.(2012) encontraram diversidade genética entre as linhagens de soja estudadas quanto a reação a doenças, além de conseguirem agrupar linhagens com resistência a doenças foliares e nematoides em grupos distintos e identificar possíveis cruzamentos. Ferreira Júnior et al. (2015) identificaram divergência genética entre os genótipos avaliados utilizando a distância de *Mahalanobis*, permitindo a identificação de genótipos divergentes e com bons atributos agronômicos além de estabelecer que as características número de dias

para maturidade e número de dias para a floração foram as que mais contribuíram para a divergência.

Almeida, Peluzio, Afférri (2011) concluíram, em um estudo, que a existência de diversidade genética permitiu a identificação de cultivares dissimilares com média elevada para as características avaliadas e inferiram que o número de dias para a maturação, número de dias para o florescimento e o peso de cem sementes foram as características mais significativas para a divergência, além de terem conseguido identificar hibridações promissoras.

2.4. Melhoramento Genético de Soja

O sucesso do agronegócio da soja brasileira pode ser atribuído aos avanços científicos e tecnológicos para seu cultivo, resultado dos esforços realizados por diversas instituições de pesquisa que buscam a solução das limitações reais e potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da soja, resultando em sementes de alta qualidade (MARTINS et al., 2016; NOGUEIRA; SEDIYAMA e GOMES, 2015).

O desenvolvimento de novas cultivares pode ser realizado a partir de hibridações artificiais, por meio de cruzamentos de parentais geneticamente distintos para desenvolver populações com variabilidade genética, com aplicação de métodos apropriados de avaliação e seleção de características superiores. Essas hibridações podem ser realizadas através de cruzamentos simples, duplos ou múltiplos, com o objetivo de recombinar a variabilidade genética intra-específica ou para aumentar a variabilidade, pela introgressão de genes em cruzamentos interespecíficos, sendo altamente dependentes das condições edafoclimáticas (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

A seleção de parentais para a realização das hibridações é uma das etapas mais importantes no processo de melhoramento genético da cultura da soja, pois nesses genótipos

deverão estar presentes as características de interesse a serem recombinadas. Para isso é necessário cautela na escolha para que parentais geneticamente divergentes gerem populações com maior variância genética e permitam um maior ganho de seleção (MACHADO, 2014).

Nas populações em gerações mais avançadas são selecionadas as plantas com melhores desempenhos para a instalação de testes de progênie e seleção de linhagens com uniformidade relativamente alta e homogeneidade de caracteres agronômicos tais como o ciclo, altura de planta e resistência a doenças (FREITAS, 2011).

2.5. Melhoramento Genético para resistência à doença

Plantas com resistência a fitopatógenos são menos acometidas pelas doenças e têm a sua produtividade e seu vigor mais preservados. Portanto, em um programa de melhoramento procura-se reunir nas populações segregantes genótipos superiores que apresentem bom rendimento produtivo relacionado aos caracteres agronômicos (altura, número de nós, número de dias para o florescimento, altura de inserção da primeira vagem, produtividade) assim como resistência a doenças que acometem a cultura (GRIGOLLI et al., 2015).

Atualmente, mais de 40 doenças envolvendo fungos, bactérias, nematoides e vírus atingem a cultura. Este número aumenta cada vez mais devido à expansão da cultura para novas áreas, além do surgimento de novas raças fisiológicas dos fitopatógenos, devido a mutações e adaptações genéticas que ocorrem nos organismos ao longo do tempo (ALMEIDA et al., 2013).

Esses fitopatógenos causam grandes danos na produtividade das lavouras pelo país, além de prejuízo financeiro aos agricultores. A importância econômica de cada doença varia de ano para ano e de região para região, de acordo com as condições climáticas (ALMEIDA et al., 2013). As perdas anuais de produção por doenças que acometem a soja são estimadas em cerca de 20%, podendo algumas doenças ocasionar perdas de até 100% constituindo-se

como uma grave ameaça para a produtividade e a competitividade da soja nacional (EMBRAPA, 2008).

O uso de cultivares resistentes, desenvolvidas por programas de melhoramento, é o meio mais barato e de fácil utilização contra doenças, além de evitar ou diminuir a queda da produtividade e da renda. Diminui também a agressividade ao meio ambiente devido ao menor uso de agrotóxicos, assim como reduz os custos de produção para o agricultor e além de disponibilizar um grão de alta qualidade (ALMEIDA et al., 2013).

Dentro dessa ampla gama de doenças pode-se citar o oídio causado pelo fungo Erysiphe diffusa.

2.6. Oídio (Erysiphe diffusa)

A primeira observação da doença data de 1921, na Alemanha. Já na América, ela foi relatada pela primeira vez nos Estados Unidos em 1931 por Lehman, (1931). No Brasil, somente na safra 1996/97 uma grande epidemia de oídio, favorecida pelo clima chuvoso e temperaturas baixas, atingiu as cultivares suscetíveis nas lavouras brasileiras. Assim, a partir deste período a doença ganhou maior importância nos níveis de produção da soja brasileira, já que surtos foram relatados desde o Sul até o Sudeste e Centro-Oeste brasileiros provocando perdas de até 25% da produtividade. Essa doença, se não controlada, pode gerar até 40% de perdas na produtividade da soja além de aumentar o uso do controle químico por meio de agrotóxicos aumentando os custos de produção (BEDENDO, 2011).

O fungo é um parasita biotrófico obrigatório de plantas que se instala principalmente na superfície foliar da planta desenvolvendo colônias (manchas) esbranquiçadas e de aspecto pulverulento que diminuem a transpiração foliar, sua taxa fotossintética, retira os nutrientes das folhas, atrapalhando de maneira significativa o desenvolvimento da planta pelo esgotamento da reserva nutricional, diminuindo a produção de vagens e de grãos. O fungo

também pode se instalar em outras partes aéreas da planta como hastes, pecíolos e vagens (ITO, 2013).

Os sintomas desenvolvidos podem ser clorose, ilhas verdes, manchas ferruginosas, desfolha acentuada. Com o passar dos dias a coloração branca das colônias fúngicas instaladas na folha muda para um tom castanho-acinzentado dando às folhas aspecto de uma cobertura suja (ITO, 2013).

O oídio se desenvolve bem em climas com baixas temperaturas (18-22°C) e baixa umidade do ar, ou seja, clima seco. De acordo com Medice, Bettiol e Altéa (2013) temperaturas acima de 30°C inibem o desenvolvimento do fungo assim como o molhamento foliar. Desta forma, precipitações intensas e frequentes são um fator inibitório para o desenvolvimento do oídio.

A severidade e o controle da doença são influenciados por fatores como a época de semeadura e a fase do desenvolvimento da planta. Segundo Dos Santos et al. (2017), o plantio tem de ocorrer em épocas que apresentem condições climáticas desfavoráveis ao estabelecimento do oídio para que seu controle seja feito e sua severidade seja menor. De acordo com Igarashi et al.(2010), as perdas na produtividade da soja causadas pelo oídio diminuem de forma gradativa na medida que o estabelecimento da doença ocorre nos estádios mais avançados de desenvolvimento da planta, interferindo inclusive na redução do número de vagens por planta.

O controle da doença é dificultado pelo fato da transmissão ocorrer de maneira fácil através da disseminação dos esporos pelo ar. A melhor e mais eficiente forma de controle do oídio atualmente é a utilização de cultivares geneticamente resistentes (JULIATTI et al., 2006). O controle químico é uma forma de controle adicional que pode ser usado e que se baseia na aplicação de fungicida na lavoura. Porém, é importante lembrar que o uso

indiscriminado de agentes químicos pode também prejudicar a planta e ser agressivo ao meio ambiente (PEREIRA et al., 2015).

A resistência genética à doença é relacionada a um loco gênico com dois alelos. De acordo com Pereira et al. (2015) a resistência ao oídio apresenta herança mendeliana e é controlada pelo loco gênico de resistência Rmd composto por três alelos (Rmd, Rmd-c e rmd). O alelo Rmd confere resistência a plantas adultas. O alelo Rmd-c confere resistência ao oídio em todos os estádios de desenvolvimento da planta, além de estar ligado ao gene Rps2 que confere resistência à podridão radicular de fitóftora e ao gene Rj2 que restringe a nodulação. Já o alelo rmd confere suscetibilidade à doença.

No campo das pesquisas, vários trabalhos vêm sendo realizados visando identificar genótipos resistentes ao oídio. Gonçalves; Centurion; Di Mauro (2009) identificaram em seu trabalho, realizado na cidade de Jaboticabal, os genótipos JB95-50028, JB94-0210 como sendo os mais resistentes ao oídio quando testados no campo, na casa de vegetação e no método da folha destacada.

Pereira et al. (2009) verificaram a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em reação ao oídio em casa de vegetação e concluíram que os genótipos UFV-16, UFV-19, UFV89-361826 T2, FT-Abyara RC₆ (F2), UFV94-5126, UFV95-4121333 e o UFV94-334268 foram os mais resistentes e também os que demonstraram o melhor desempenho genotípico além da melhor previsibilidade de comportamento.

Juliatti et al.(2006) estudaram a severidade de doenças fúngicas foliares em genótipos de soja em três locais de plantio diferentes encontrando no final duas cultivares principais de destaque para a resistência ao oídio que foram a UFU-98523 e a UFU-98L12A.

Em outro trabalho de Pereira et al.(2008), avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja para resistência ao oídio encontrando como cultivares destaques as seguintes: UFV-16, UFV-19, FT-Abyara RC₆ (F2), UFV89-361826T2, UFV94-334268, FT-

10RC₅ (F₃), Doko RC e FT-Abyara RC₅ (F4). As cultivares avaliadas como suscetíveis foram UFV-945126, FT-104, UFV943500, FT-Cristalina, FT-Estrela e BR-16.

Considerando a existência de variabilidade genética do patógeno *Erysiphe diffusa* e de linhagens e cultivares de soja fica evidente a possibilidade de comportamento diferencial das linhagens desenvolvidas em programas de melhoramento e, também, a necessidade de determinar a reação dos genótipos de soja na presença do oídio. Assim, é de fundamental importância obter informações sobre a reação das linhagens de soja desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), pois assim haverá a possibilidade de melhor caracterização quanto à resistência a doenças.

3. OBJETIVOS

Avaliar linhagens e cultivares de soja quanto aos caracteres agronômicos em relação à infecção por *Erysiphe diffusa*, em condições de casa de vegetação.

Avaliar a reação de linhagens e cultivares do Programa de Melhoramento de Soja da UFU ao fitopatógeno *Erysiphe diffusa*, em condições de casa de vegetação.

Avaliar a diversidade genética entre os genótipos avaliados.

Indicar possíveis cruzamentos promissores para obtenção de genótipos mais tolerantes ao oídio e para obtenção de maior produtividade.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Instalação do Experimento

O experimento foi conduzido na safra 2016/2017, em casa de vegetação na Fazenda Capim Branco, localizada no município de Uberlândia - MG (18°52'S; 48°20' W e 872 m de altitude) pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC), com seis repetições, sendo que cada unidade experimental foi constituída por oito vasos distribuídos aleatoriamente entre as bancadas da casa de vegetação.

Os vasos que receberam as cultivares foram previamente preparados antes da semeadura com a proporção de 1/3 de matéria orgânica e 2/3 solo.

Após o preparo e a irrigação dos vasos foi realizada, no dia 09 de Julho de 2016, a semeadura de forma manual em cova, com profundidade de três centímetros, onde foram semeadas quatro sementes por parcela experimental. Após a emergência, foi feito o desbaste padronizado das plantas, deixando duas plantas por vaso.

No dia 28 de julho de 2016 foi feita a inoculação do oídio nos genótipos em estudo (testemunhas, linhagens e cultivares) conforme Lohnes & Bernard (1992) e Lohnes & Nickel (1994). Plantas de soja do Programa de Melhoramento Genético da UFU contaminadas com oídio foram utilizadas como fonte de inóculo. Nesta etapa de inoculação do patógeno, foi colocado um vaso fonte de inóculo (com uma planta contaminada por oídio) para quatro vasos de genótipos, para que fossem infectados. Essas fontes de infecção foram colocadas intercaladas entre os genótipos utilizados no experimento, de modo a garantir a contaminação de todos pelo fungo.

A colheita foi realizada a partir do dia 12/11/2016 para posterior avaliação dos caracteres agronômicos.

Durante todo o experimento a adubação do plantio foi realizada semanalmente com uma fórmula NPK 02-28-18, na dosagem de 400 kg ha⁻¹. Foi realizado também o tratamento para cochonilha utilizando acetamiprido na dose de 6g por 100L. Não foi aplicado nenhum tipo de fungicida para não atrapalhar o desenvolvimento do oídio nas plantas.

4.2. Material Genético

Foram avaliados oito genótipos de soja, dos quais quatro eram cultivares (UFUS 7415, UFUS 8310, UFUS 6901 e UFUS 7910), duas linhagens de soja (UFUS LTK, UFUS L78), que foram desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) e que foram avaliadas neste experimento quanto à reação de cada uma frente à contaminação do fungo *Erysiphe diffusa*, causador do oídio. Os outros dois genótipos foram cultivares desenvolvidas pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e que serviram como padrões de suscetibilidade (BRS Jiripoca) e de resistência (BR MG 46 Conquista), para comparação com as cultivares testadas.

4.3. Avaliações e Análises

Para as estimativas relativas ao oídio foram avaliadas a incidência e a severidade da doença. A incidência corresponde a uma análise qualitativa de definição visual, se a planta tem ou não a doença, enquanto que a severidade é uma análise visual quantitativa que determina a porcentagem da área ou volume de tecido doente na planta ou em suas folhas.

As avaliações foram feitas a partir do momento em que já se observaram o surgimento das manchas brancas (característica do oídio) principalmente nas folhas das plantas, as quais ocorreram do dia 17/08/2016 ao dia 22/10/2016, totalizando nove avaliações.

A avaliação da severidade do oídio nos genótipos foi realizada por meio da quantificação visual do nível de infecção (NI) provocado pelo oídio, sendo avaliado o nível de infecção da área foliar infectada pelo oídio (NIAFI) e o nível de infecção do folíolo mais infectado pelo oídio (NIFI), conforme escala de Lohnes & Nickell (1994) adaptada por Juliatti.

As notas variaram de 1,0 a 5,0 obedecendo ao seguinte critério: NI = 1,0 (plantas sem sintomas ou sinal visível), NI = 2,0 (1 a 25% da área foliar infectada – AFI), NI = 3,0 (26 a 50% da AFI), NI = 4 (51 a 75% da AFI) e NI = 5 (> 75% da AFI).

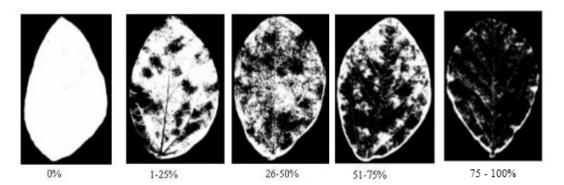


FIGURA1. Escala diagramática do oídio da soja (*Glycine max*) por Juliatti e Polizel (2004).

Foi usada a denominação (OÍDIO) para representar o nível de infecção das plantas na última avaliação realizada. As notas obtidas das avaliações realizadas anteriormente a última foram usadas para fazer a AACPD (área abaixo da curva de progresso da doença). A área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foi usada com o objetivo de descrever a epidemia. Neste caso, baseando-se em avaliações de severidade pode-se estabelecer uma curva da doença quantificada *versus* tempo. Segundo Shaner e Finley (1977), a área abaixo da curva de progressão de doença pode ser calculada pela fórmula:

AACPD =
$$\sum [(Yi + Yi + 1)/2 \times (Ti + 1 - Ti)]$$
, onde:

Yi = Proporção da doença na i-ésima observação;

Ti = Tempo (dias) na i-ésima observação e;

N = Número total de observações.

Simultaneamente foram realizadas as avaliações das características agronômicas conforme descrito abaixo:

- a) **Número de dias para o florescimento (NDF)**: período que corresponde ao número de dias decorridos entre a semeadura e o florescimento pleno (estádio R2 na escala de Fehr e Caviness (1977)).
- b) **Número de dias para a maturidade (NDM)**: período que corresponde ao número de dias decorridos desde a semeadura até a data em que 95% das vagens apresentaram-se maduras (estádio R8 na escala de Fehr e Caviness (1977)).
- c) Altura da planta no Florescimento (APF): altura da planta em seu estádio de florescimento.
- d) **Número de nós no Florescimento (NNF)**: número de nós presentes na planta no estádio de florescimento.
- e) **Número de nós na maturidade (NNM)**: número de nós presentes na planta em seu estádio R8.
- f) Altura das plantas na maturidade (APM): medida da superfície do solo até a inserção do racimo no ápice da haste principal, no estágio R8 na escala de Fehr e Caviness (1977).
- g) Altura da inserção da primeira vagem (AIPV): distância, em cm, medida a partir da superfície do solo até a primeira vagem, obtida na colheita.
- h) **Números totais de vagens (NTV)**: em momento posterior à colheita foi contado o número total de vagens em cada cultivar.
- i) **Número de vagens com 1 grão (NVG1)**: em momento posterior à colheita foi contado o número de vagens com uma semente em cada planta.
- j) **Número de vagens com 2 grãos (NVG2)**: em momento posterior à colheita foi contado o número de vagens com duas sementes em cada planta.

- k) **Número de vagens com 3 grãos (NVG3)**: em momento posterior à colheita foi contado o número de vagens com três sementes em cada planta.
- 1) Número total de vagens chochas (NVCH): Número total de vagens chochas por planta.
- m) Número de sementes por vagem (NSV): Número médio de sementes por vagem.
- n) **Produtividade de grãos (PG)**: avaliada na maturidade, após a debulha das vagens, por meio da pesagem das sementes de cada parcela.
- o) Determinação da cor da flor: no estádio R1, serão atribuídas as cores branca e roxa.
- p) **Determinação da cor da pubescência**: no estádio R8, serão atribuídas as cores cinza e marrom.

Foi realizada a análise de variância (ANOVA) e o teste de Tukey com os dados obtidos no experimento. As análises genético-estatísticas, tanto uni como multivariadas, foram realizadas no Programa GENES (CRUZ, 2016).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

TABELA 1. Quadrados médios dos genótipos, coeficientes de determinação genotípica e coeficiente de variação de caracteres agronômicos e reação ao oídio em genótipos de soja cultivados em casa de vegetação no município de Uberlândia-MG, safra de 2016/2017.

Caracteres	QMG	H^2	CV (%)
OÍDIO	9,10**	93,14	24,13
NDF	20,52**	98,0	1,43
NDM	18,44**	98,53	0,52
APF	234,23**	71,95	16,69
APM	311,18**	16,73	77,87
NNF	1,77 ^{ns}	38,54	12,73
NNM	9,67**	72,64	19,29
AIPV	48,88**	79,44	29,77
NVG1	21,45 ^{ns}	55,05	57,88
NVG2	314,62**	39,63	84,15
NVG3	171,22**	87,70	37,39
NTV	612,42**	79,80	31,96
NVCH	$32,17^{ns}$	0	50,84
NSV	0,15**	86,65	6,39

AACPD	13320,20**	96,46	13,13
PROD	75,37**	82,33	36,21

^{**:} significativo ao nível de 1% de significância pelo teste F. CV (%): coeficiente de variação; H²: coeficiente de determinação genotípica OÍDIO: Severidade do oídio; NDF: número de dias para o florescimento; NDM: Número de dias para a maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; NNF e NNM: número de nós no florescimento e maturidade, respectivamente; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; NVG1, NVG2 e NVG3: número de vagens de 1, 2 e 3 grãos; NTV: número total de vagens; NVCH: número total de vagens chochas; NSV: Número de sementes por vagem; AACPD: Área abaixo da curva de progressão da doença e PROD: produtividade.

Coeficiente de variação (CV%) indica o grau de precisão experimental, quanto menor o CV, maior a homogeneidade dos dados, e menor a variação do acaso. De forma geral, esse coeficiente pode ser classificado como baixos, para valores inferiores a 10%; médios, para valores de 10% a 20%, e altos, de 20% a 30%, e muito altos, para valores superiores a 30%. No entanto, essa classificação não leva em consideração as particularidades de cada cultura e não faz distinção quanto à natureza do caráter avaliado (LEITE et al., 2015).

O coeficiente de variação oscilou entre 0,52% (NDM) e 84,15 (NVG2). Altos valores de CV para componentes de produção são aceitáveis devido às condições em que as plantas foram avaliadas e pelo fato de serem características quantitativas, sendo bastante influenciadas pelo ambiente (LEITE et al., 2015).

Visto que o caráter Produtividade é de grande complexidade e apresenta uma ampla gama de possíveis interferências na parte experimental pode obter CV% com valores mais altos. Dentre os valores de CV(%) obtidos algumas características como NNF (12,73%) e APF (16,69%) foram satisfatórias e outras como PROD (36,21%) não foram satisfatórias quando comparadas com as obtidas em trabalho semelhante (CASTRO et al.,2015).

Para todos os caracteres avaliados, observou-se variância genética significativa ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F, exceto para as características NNF, NVG1 e NVCH.

O coeficiente de determinação genotípica (H²) expressa a proporção da variabilidade fenotípica que é de causa genética. Em gerações avançadas do processo de melhoramento o parâmetro H² é denominado como coeficiente de determinação genotípica por se tratar de

genótipos já fixados e pré-selecionados (VASCONCELOS et al.,2012). Os valores de H² são considerados altos quando são superiores a 70% (LEITTE et al., 2016).

Os valores de H² variaram entre 0 (NVCH) e 98,53 (NDM). Obtiveram-se valores altos de H² nas características PROD (82,33), AIPV (79,44), NTV (79,80), NVG3 (87,70), NNM (72,64), APF (71,95), OÍDIO (93,14), 98,53 (NDM) e AACPD (96,46). Isso indica que principalmente nessas características a diferença entre os genótipos é predominantemente de natureza genética. Os valores mais altos de H² estão dentro do intervalo de resultados obtidos por Glasenapp et al. (2015) que verificaram uma variação de H² entre 51,42% e 95,15% na avaliação de 17 genótipos em dois experimentos. Esses resultados corroboram os obtidos por Romanato (2013) que, avaliando 27 linhagens de soja, também obteve dados de H² semelhantes, visto que o valor mais alto foi de 95,01%.

O segundo teste realizado foi o de Tukey para que se pudessem comparar as médias dos dados obtidos. Os resultados obtidos são os demonstrados nas tabelas a seguir.

TABELA 2. Caracteres avaliados em genótipos de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, safra 2016/2017.

Genótipos	OÍDIO	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNM	AIPV
UFUS 7910	2,50 bc	46,25b	102,17b	53,58 ab	55,00 ab	9,16 ^{ns}	10,08ab	10,58ab
UFUS 8310	2,80bc	47,33a	103,25a	55,50 a	54,91 ab	8,50 ns	9,08 ab	10,83 a
UFUS LTK	4,08 ab	44,33c	100,25c	41,33 ab	46,66 ab	8,00 ns	7,50 a	6,58 b
UFUS 6901	5,00 a	45,25d	98,42d	39,25 b	40,75 b	7,95 ^{ns}	7,83 ab	8,62 ab
UFUS 7415	2,43 bc	44,17c	99,75c	49,89 ab	43,91 ab	7,77 ns	7,37 b	8,43 ab
UFUS L78	2,08c	46,58b	102,17b	54,41 a	60,25 a	8,58 ns	10,41a	15,58 a
BR MG 46 Conquista	2,25 с	42,75d	98,75d	50,58 ab	53,33 ab	8,16 ns	8,08 ab	10,00ab
BRSJiripoca	5,00 a	45,83b	101,50b	44,00 ab	41.91 ab	7,41 a	7,33 b	10,50ab

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Tukey a 5% e 1% de probabilidade. OÍDIO: Severidade do oídio; NDF e NDM: Número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente;

APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade, respectivamente; NNF e NNM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; ns: não significativo.

TABELA 3.Caracteres avaliados em genótipos de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, safra 2016/2017.

Genótipos	NVG1	NVG2	NVG3	NTV	NVCH	NSV	AACPD	PROD
Genoupos	IVVOI	11102	NVGS	1 \ 1 \ V	IVVCII	110 1	AACID	TROD
UFUS 7910	4,08 ns	16,25 b	21,66 a	42,00 ab	$10,66^{\text{ns}}$	2,44 a	139,0b	13,83 a
UFUS 8310	6,25 ns	17,41 b	17,50 ab	42,25 ab	13,58 ns	2,23 a	140,25b	13,91 a
	-,	,	- / ,0 0	,	,	_,	- 10,-0	,
UFUS LTK	3,83 ns	17,50 b	15,00abc	36,58 ab	14,25 ^{ns}	2,30 a	199,50a	10,83ab
UFUSLIK	3,03	17,500	13,00000	30,38 ab	14,23	2,50 a	199,50a	10,83a0
UFUS 6901	3,04 ^{ns}	12,58 b	8,54 bc	24,25 b	12,62 ns	2,24 a	228,75a	4,33 b
UFUS7415	6,79 ns	14,66 b	5,37 b	26,93 b	8,75 ns	1,95b	143,0b	6,85 ab
01 007 110	0,75	1 1,00 0	2,27 3	20,550	0,72	1,,,,,	1 .5,00	0,02 40
UFUS L78	8,83 ^{ns}	35.25 a	10,08 bc	54,25 a	15,66 ns	2,01b	128,0b	12,33ab
BR MG 46	5,58 ns	14.41 b	10,25 bc	30,25ab	10,83 ns	2,14 a	112,75b	11,33ab
Conquista	- ,		,	,		_,	,	,
BRS Jiripoca	4,50 ns	14,41 b	9,75 bc	28,66 b	10,41 ns	2,17 a	231,50a	7,16 ab
Ditto simpoca	1,50	1 1, 11 0	J, 13 0C	20,000	10, 11	2,17 a	231,30a	7,10 ao

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Tukey a 5% e 1% de probabilidade. NVG1, NVG2, NVG3: número de vagens de 1, 2 e 3 grãos; NTV: número total de vagens; NVCH: número total de vagens chochas; NSV: número de sementes por vagem; AACPD: Área abaixo da curva de progressão da doença; PROD: produtividade; ns: não significativo.

Pelas médias gerais obtidas para o nível de infecção por oídio pode-se destacar que os genótipos em geral se comportaram como moderadamente resistentes. Estes genótipos apresentaram valores médios estimados em 2,08 e 2,80, segundo a classificação adaptada de Lohnes & Nickell (1994). Este mesmo comportamento geral dos genótipos foi observado por Pereira et al. (2012). Como destaque dentre as médias gerais aparece a linhagem UFUS L78 que apresentou maiores resistências ao oídio dentre todos os genótipos testados. Por outro lado, os genótipos BRS Jiripoca e UFUS 6901 apresentaram as maiores médias se mostrando suscetíveis ao oídio, levando em consideração a última avaliação feita no experimento.

Na característica NDF, as médias variaram entre 42,75 dias (BR MG 46 Conquista) e 47,33 dias (UFUS 8310). Já na característica NDM, as médias variaram de 98,42 dias (UFUS 6901) a 103,25 dias (UFUS 8310). Segundo a classificação em grupos de maturidade, no

estado de Minas Gerais são consideradas cultivares precoces as que apresentam menos de 101 dias de maturação, semiprecoces aquelas que apresentam de 101 a 110 dias de maturação, médias, de 111 a 125 dias, semitardias, de 125 a 145 dias de maturação (EMBRAPA, 2008). Dessa forma, quatro genótipos (UFUS LTK, UFUS 6901, UFUS 7415 E BR MG 46 Conquista) se mostraram precoces, enquanto que os outros quatro avaliados (UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS L78 e BRS Jiripoca) se mostraram semiprecoces.

A cultivares precoces são vantajosas por possibilitarem a realização da segunda safra na mesma área e por permitirem o escape de doenças, diminuindo a quantidade de aplicações de produtos químicos (SILVA et al., 2015).

Para a altura da planta no florescimento (APF) obteve-se variação de médias entre 39,25 cm (UFUS 6901) e 55,50 cm (UFUS 8310). Na altura da planta na maturação (APM) também houve separação em dois grupos havendo variação de médias no intervalo de 40,75 cm (UFUS 6901) a 60,25 cm (UFUS L78). A altura das plantas na floração e maturação são características de extrema importância, pois influenciam o acamamento da planta, e, portanto, alturas de plantas acima de 100 cm são inadequadas para a cultura da soja, pois a planta aumenta o seu acamamento, fato esse que dificulta a eficiência da colheita mecanizada (SEDIYAMA; SILVA e BORÉM, 2015; NOGUEIRA et al.,2009). Assim, todos os genótipos mantiveram uma média de altura satisfatória, dado que nenhuma planta ultrapassou 100 cm.

Plantas menores do que 50,00 cm não são boas para a cultura, pois o pequeno porte pode resultar na formação de vagens muito próximas ao solo o que pode aumentar as perdas na colheita mecanizada, porque vagens mais baixas ficam retidas no caule da planta após a colheita (AGUILA; AGUILA; THEISEN, 2011). Desta forma, no presente estudo quatro genótipos (UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS L78, BR MG 46 Conquista) se mostraram com médias de altura acima de 50,0 cm enquanto que os outros quatro genótipos (UFUS LTK, UFUS 6901, UFUS 7415 e BRS Jiripoca) tiveram médias de altura abaixo de 50,0 cm.

O número de nós no florescimento (NNF) variou de 7,41 (BRS Jiripoca) a 9,16 nós (UFUS 7910). Já no número de nós na maturação (NNM) as médias variaram entre 7,50 (UFUS LTK) e 10,41 nós (L78). De acordo com Sediyama; Silva; Borém (2015) plantas que apresentam um alto potencial produtivo possuem em media de 17 a 18 nós na haste principal. Com isso, todos os genótipos apresentaram números de nós abaixo do recomendado por esse autor. No entanto, outros estudos já relataram diferentes números como, por exemplo, Perini et al. (2012) que encontraram valores entre 12,03 e 16,61 para o mesmo caractere.

Na altura de inserção da primeira vagem (AIPV) os genótipos obtiveram médias entre 6,58 cm (UFUS LTK) e 15,58cm (UFUS L78). A altura ideal de inserção da primeira vagem é de 10 cm para solos planos e 15 cm para solos inclinados (SEDIYAMA; TEIXEIRA e REIS, 2009). Assim sendo, todas as cultivares avaliadas obtiveram médias acima de 10,0 cm sendo boas para plantio em solos planos, exceto a cultivar UFUS 6901 e UFUS 7415 e UFUS LTK. Já para solos inclinados, a única cultivar que obteve média acima de 15 cm foi a UFUS L78.

Na característica de números de vagens de um grão (VG1) as médias variaram de 3,04 vagens (UFUS 6901) a 8,83 vagens (UFUS L78). No número de vagens de dois grãos (NVG2) houve variação das médias entre o intervalo de 12,58 vagens (UFUS 6901) e 35,25 vagens (UFUS 7415). Já no número de vagens de três grãos (NVG3) os valores das médias variaram de 5,37 vagens (UFUS L78) a 21,66 vagens (UFUS 7910). Notou-se que para a característica de vagens por grão destacaram-se principalmente os genótipos (UFUS L78, UFUS 8310, e UFUS LTK), pois apresentaram boas médias no número de vagens de um, dois e três grãos. Estes resultados foram diferentes dos obtidos por Charlo et al. (2011) que ao avaliarem o desempenho agronômico de dez linhagens de soja no estado de São Paulo alcançaram médias superiores entre 29,86 e 33,70 para NVG1 e 29,20 e 40,40 para NVG2.

Também se observa que as médias obtidas pelos genótipos no número de vagens de dois e de três grãos foram significativamente maiores do que as obtidas no número de vagens de um grão. Isso ocorre por que segundo Matsuo; Ferreira e Sedyama (2015) uma vagem de soja pode conter até cinco grãos, porém, a maioria das vagens de soja apresenta vagens com duas ou três sementes.

O número total de vagens cheias por planta (NTV) é um dos mais importantes caracteres agronômicos devido à sua alta correlação positiva com a produtividade (PERINI et al., 2012; VIANNA et al., 2013). Uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, porém, cultivares brasileiras produzem em média de 30 a 80 vagens por planta. Os valores das médias dos genótipos variaram de 24,25 vagens cheias (UFUS 6901) a 54,25 vagens cheias (UFUS L78). Os genótipos UFUS 8310, UFUS 7910 e UFUS LTK também apresentaram bom desempenho. Predominantemente os genótipos produziram vagens de dois grãos, resultado este que entra em concordância com os obtidos por Charlo et al. (2011) e Machado et al. (2017).

Dos oito genótipos avaliados cinco ficaram dentro da média das cultivares brasileiras (de 30 a 80 vagens). Esses genótipos foram UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS LTK e BR MG 46 Conquista e UFUS L78. Esses resultados corroboram os obtidos por Machado et al. (2017) ao avaliarem o desempenho agronômico e a diversidade genética em cultivares de soja.

O número total de vagens chochas variou de 8,75 (UFUS 7415) a 15,66 (UFUS L78). Os genótipos BRS Jiripoca, UFUS 7415 E UFUS 6901 obtiveram boas médias (Tabela 2). A existência de vagens chochas pode ser explicada como consequência da deficiência hídrica, assim como pela falta de nutrientes ou sintomas fisiológicos desencadeados pela infecção ao oídio (IGARASHI et al., 2010).

No número de sementes por vagem (NSV) houve variação das médias no intervalo de 1,95 (UFUS 7415) a 2,44 (UFUS 7910). Desta forma, a baixa variação e a tendência maior

dos genótipos em terem em média duas sementes por vagem é evidenciada, comparando todas as médias obtidas pelos genótipos avaliados (Tabela 2). Essa tendência acompanha os trabalhos realizados por Machado et al. (2017) e por Perini et al. (2012).

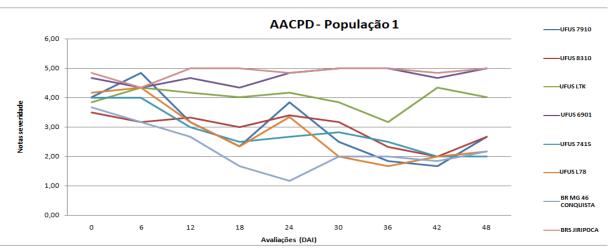


FIGURA 2. Gráfico representativo da progressão do oídio durante o tempo do ciclo de vida dos genótipos de soja.

A AACPD (Área abaixo da curva de progresso da doença) é uma importante ferramenta utilizada na avaliação da severidade de doenças que acometem a soja e outras culturas. Essa análise permite que se possa ver o progresso da doença durante o tempo do ciclo de vida da planta a partir do uso de dados obtidos através de avaliações da doença no experimento. Desta forma, consegue-se avaliar cada genótipo separadamente vendo a severidade da doença sobre ele e podendo estimar sua severidade ou tolerância a determinada doença (POLIZEL et al., 2013).

Na análise da AACPD, pode-se observar os genótipos com as maiores médias, e que, portanto são mais suscetíveis ao oídio, bem como os genótipos com as menores médias de que são os mais tolerantes. As médias variaram de 112,75 (BR MG 46 Conquista) que obteve a maior média a 231,50 (BRS Jiripoca) que obteve a menor media. O resultado é coerente, pois as duas cultivares foram utilizadas como testemunhas, a BRS Jiripoca para suscetibilidade e a BR MG 46 Conquista para tolerância.

Já dentre os genótipos pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, os mais tolerantes foram UFUS 7415, UFUS 8310, UFUS 7910 sendo que o mais tolerante foi a UFUS L78 com média de 128,0 se aproximando da testemunha de resistência. No grupo dos genótipos menos tolerantes se encontra a UFUS 6901 que foi a cultivar menos tolerante, com média de 228,75, se aproximando da testemunha de suscetibilidade. Estes resultados corroboram os obtidos por Alves et al. (2013) que avaliaram a severidade de doenças fúngicas em genótipos de soja semeados em Uberaba - MG e obtiveram a formação de dois grupos e uma variação de médias semelhante a do presente estudo.

Esses mesmos resultados foram diferentes dos encontrados por Polizel et al. (2013) que observaram uma variação maior das médias quando também avaliaram a severidade a doenças fúngicas.

A produção de grãos é uma das mais importantes características a serem avaliadas no melhoramento de soja. As médias variaram de 4,33 g de semente (UFUS 6901) a 13,91 g (UFUS 8310) na que se mostrou a mais produtiva. Os genótipos UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS LTK, UFUS L78 e BR MG 46 Conquista obtiveram produções satisfatórias dentre os resultados obtidos, com mais de 10 g de sementes.

Assim sendo, observa-se uma possível interferência da severidade da doença na produtividade visto que os genótipos UFUS 6901 e BRS Jiripoca não obtiveram produtividade satisfatória e se encontraram no grupo de suscetibilidade. Ao mesmo tempo, com exceção da UFUS LTK que se encontrou no grupo suscetível, os outros genótipos que tiveram produtividade satisfatória ficaram no grupo dos genótipos mais tolerantes. Este fato também se alinha aos resultados obtidos por Alves et al. (2013) e Rampazzo e Bassay (2014) que, ao analisarem a severidade de doenças fúngicas, também obtiveram como resultado menor produtividade de cultivares menos tolerantes.

TABELA 4. Estimativa da dissimilaridade genética obtida por meio da distância generalizada de *Mahalanobis* de oito genótipos de soja.

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8
1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2		25.06	50.05	154.05	00.22	04.00	105.10	20.20
1.UFUS 7910	-	25,06	58,05	174,87	99,33	84,88	195,12	39,30
2.UFUS 8310	25,06	-	103,93	233,42	131,48	65,25	249,65	52,33
				•••				
3.UFUS LTK	58,05	103,93	-	39,80	50,65	123,80	88,28	30,90
4.UFUS 6901	174,87	233,42	39,80	-	62,90	200,85	62,15	93,38
5.UFUS 7415	99,33	131,48	50,65	62,90	-	83,20	44,94	61,68
6.UFUS L78	84,88	65,25	123,80	200,85	83,20	-	174,38	70,56
7.BR MG 46	195,12	249,65	88,28	62,15	44,94	174,38	-	159,89
Conquista								
8.BRS Jiripoca	39,30	52,33	30,90	93,38	61,68	70,56	159,89	-
Min.	25,06							
Máx.	249,65							

Segundo Peluzio et al. (2014) mensurar a distância genética dos genótipos é de grande importância para programas de melhoramento genético, pois possibilita verificar bons genitores para possíveis cruzamentos dando origem a progênies que agreguem grande variabilidade genética e características agronômicas desejáveis.

Os oito genótipos avaliados apresentaram grande intervalo de variação nas dissimilaridades (25,06 a 249,65) indicando uma boa variabilidade genética entre os genótipos que pode ser utilizada para futuras hibridações. Esta boa variabilidade obtida é corroborada por outros estudos realizados, como o de (DE ALMEIDA; PELUZIO e AFÉRRI, 2011); Rigon et al. (2012) e Peluzio et al. (2014) que, em seus estudos de dissimilaridade, também encontraram alta magnitude de variabilidade genética.

No presente trabalho, a maior distância genética verificada foi entre os genótipos UFUS 8310 e BR MG 46 Conquista com o valor de 249,65 sendo, portanto, os materiais mais dissimilares. Já a menor distância foi vista entre os genótipos UFUS 7910 e UFUS 8310 com valor de 25,06, sendo assim os mais similares geneticamente encontrados.

TABELA 5. Contribuição relativa das variáveis em oito cultivares de soja conforme

os critérios de Singh (1981).

Caracteres	Contribuição relativa (%)
OÍDIO	1,64
NDF	17,09
NDM	21,13
APF	1,31
APM	0,23
NNF	0,58
NNM	1,69
AIPV	1,26
NVG1	3,04
NVG2	6,34
NVG3	13,16
NTV	20,83
NVCH	0,25
NSV	0,25
AACPD	7,93
PROD	3,18

OÍDIO: Severidade do oídio; NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para a maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; NNF e NNM: número de nós no florescimento e maturidade, respectivamente; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; NVG1, NVG2 e NVG3: número de vagens de 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NTV: número total de vagens; NVCH: número total de vagens chochas; NSV: Número de sementes por vagem; AACPD: Área abaixo da curva de progressão da doença e PROD: produtividade.

Segundo Ferreira Júnior et al. (2015) a contribuição relativa das características para a divergência é importante pois permite definir o quanto elas influenciam e quais as características que terão prioridade no estudo de possíveis hibridações, visto que elas têm expressiva contribuição relativa.

Na tabela 5 os caracteres agronômicos que mostraram maior contribuição para a dissimilaridade genética foram o número de dias para o florescimento e o número de dias para maturação (NDF e NDM) com 17,09% e 21,13 % respectivamente, o número total de vagens (NTV) com 20,83 e o número de vagens de três grãos (NVG3) com 13,16% de contribuição. Portanto, essas características devem ter prioridade no estudo da diversidade genética para futuros cruzamentos.

Nota-se também que dentre as características que apresentam as maiores contribuições relativas encontram-se NDF e NDM. Estes resultados estão de acordo com resultados obtidos

por Almeida; Peluzzio e Afférri (2011) que afirmam que essas características são eficientes para explicar a dissimilaridade entre as cultivares e merecem prioridade na escolha de progenitores em programas de melhoramento.

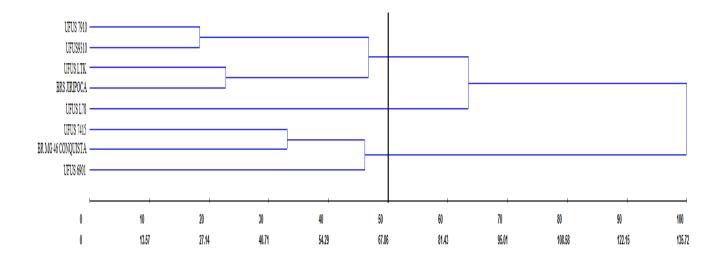


FIGURA 3 Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre seis cultivares e duas linhagens de soja obtido pelo método UPGMA (método de pares de grupos não ponderados usando médias aritméticas) com base na matriz generalizada de *Mahalanobis*.

Com base nas distâncias genéticas obtidas por *Mahalanobis* foi feito um dendograma que é um método de delimitação visual no qual se avalia os pontos de alta mudança de níveis, resultando na demarcação de indivíduos para determinados grupos (CRUZ; REGAZZI e CARNEIRO, 2012). A correlação co-fenotípica obtida foi de 0,61, significativa a 1% pelo teste t. De acordo com Machado et al. (2017), valores acima de 0,70 são bons já que significam um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas os genótipos e a sua matriz original.

No dendograma ao considerar a dissimilaridade de 50 % no critério de delimitação dos grupos, houve a formação de três grupos distintos. Sousa et al. (2015) obtiveram formação de oito genótipos realizando um corte em 43% da distância genética. Reina et al. (2014) ao realizarem o corte em 52 % da distância, de forma semelhante a este trabalho, obtiveram formação de seis grupos.

TABELA 6. Agrupamento de otimização entre oito genótipos de soja, obtidos pelo método de Tocher, utilizando a Distância Generalizada de *Mahalanobis*

Grupos	Genótipos
I	UFUS 7910, UFUS 8310, BRS JIRIPOCA, UFUS LTK
II	UFUS 7415, BR MG 46 CONQUISTA, UFUS 6901
III	UFUS L78

Com base na distância generalizada de *Mahalanobis* foi possível obter o agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 5). Segundo Oliveira et al. (2014), este método forma grupos de maneira que a distância média intragrupo seja sempre inferior a qualquer distância intergrupos. A finalidade deste agrupamento é reunir os indivíduos em grupos, resultando em máxima homogeneidade dentro do grupo e máxima heterogeneidade entre os grupos formados.

Neste trabalho foram formados três grupos distintos. O grupo I foi formado por UFUS 7901, UFUS 8310, BRS Jiripoca e UFUS LTK. O grupo II foi formado pela UFUS 7415, BR MG 46 Conquista e UFUS 6901. O grupo III só apresenta um genótipo (UFUS L78), demonstrando que este genótipo foi geneticamente distinto de todos os outros.

Os resultados obtidos pelo método de Tocher indicaram existência de boa variabilidade genética além da possibilidade de identificação de cultivares com características divergentes. Estes dados são corroborados pelos estudos de Rigon et al. (2012); Peluzio et al. (2014). O agrupamento pelo método de Tocher e o UPGMA são os mais utilizados para o estudo da diversidade genética (FARIA et al., 2012). Apesar de algumas diferenças nas metodologias, observou-se que os grupos formados pelos dois métodos foram iguais. Ficou evidente também a formação de grupos exclusivos para a linhagem UFUS L78, mostrando sua divergência genética acentuada com relação às demais.

Os dois métodos de agrupamento permitiram a identificação de cruzamentos possivelmente promissores, assim como os não recomendados por apresentarem baixa variabilidade genética.

Levando em consideração que o genótipo UFUS L78 é divergente geneticamente dos demais e que ele foi o genótipo com a maior tolerância ao oídio dentre as cultivares do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, observando a nota obtida pela AACPD, além de ter apresentado boa produtividade, ele se configura como um potencial genótipo para futuras hibridações como, por exemplo, com os genótipos UFUS 8310, UFUS 7910 e BR MG 46 Conquista que se mostraram divergentes e obtiveram ao mesmo tempo boa tolerância ao oídio e boa produtividade.

A alta variabilidade genética entre os genótipos possibilita a obtenção de maior ganho de seleção e consequentemente de progênies superiores.

6. CONCLUSÕES

Verificou-se a existência de variabilidade genética para os caracteres agronômicos avaliados, exceto para o número total de vagens chochas (NVCH), número de nós no florescimento (NNF) e número total de vagens de um grão (NVG1).

As características que obtiveram maior contribuição relativa para a diversidade genética foram o número de dias para a maturação (NDM) seguida pelo número total de vagens (NTV).

O genótipo UFUS L78 foi o mais tolerante ao oídio e o UFUS 6901 foi o mais suscetível, de acordo com as médias de AACPD obtidas. As testemunhas obtiveram o desempenho esperado.

As cultivares UFUS 7910, UFUS 8310, UFUS L78 e BR MG 46 Conquista apresentaram as melhores produtividades, além de bom desempenho nas avaliações das características agronômicas.

As hibridações recomendadas com o objetivo de obtenção de maior tolerância ao oídio e produtividade são UFUS L78 x UFUS 8310, UFUS L78 x UFUS 7910 e UFUS L78 x BR MG 46 Conquista.

7. REFERÊNCIAS

AGUILA, L. D. H.; AGUILA, J. S. del; THEISEN, G. Perdas na Colheita na Cultura da Soja. COMUNICADO TÉCNICO n. 271, Embrapa Clima Temperado, dez. 2011. 12p.

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

ALMEIDA, F.A et al. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.

ALVES, J.S et al. Severidade de doenças fúngicas em genótipos de soja semeados em Uberaba, MG. **Agrarian**, v. 6, n. 21, p. 236-244, 2013.

ALVES, C.T; TEDESCO, J.C. A revolução verde e a modernização agrícola na mesorregião noroeste do Rio Grande do Sul-1960/1970. **Revista Teoria e Evidência Econômica**, v. 21, n. 45, 2016.

BATISTA, R.O et al. Diversidade genética de linhagens elites de soja quanto a resistência a doenças. 2012.

BEDENDO, I. P. Oídios. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIM FILHO, A. (Ed.). Manual de Fitopatologia Princípios e Conceitos, v. 1. 4 ed. **Piracicaba Agronomia Ceres**, 2011, p. 473-477.

BEZERRA, A. R. G. et al. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja**: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, 2015, p. 09-26.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A. de; KIIHL, R. A. de S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. **Hibridações artificiais em plantas.** 2. ed. Viçosa: Ufv, 2009, cap. 21, p. 514-536.

CASTRO, L. H. S. et al. Melhoramento genético da soja visando resistência a fitopatógenos. In: LEMES, E. M.; CASTRO, L. H. S. e; ASSIS, R. T. de. **Doenças da soja:** Melhoramento genético e técnicas de manejo. Campinas: Millennium, 2015, cap. 11, p. 179-204.

CHARLO, H. C. O. et al. Desempenho agronômico de dez linhagens de soja-hortaliça. **Horticultura brasileira**, Vitória da Conquista, v. 29, n. 3, p. 349-353, 2011.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: Aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows-2016, Viçosa, UFV.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DE SOUZA, V. Q. et al. Caracteres morfofisiológicos e produtividade da soja em razão da desfolha no estádio vegetativo. **Científica**, v. 42, n. 3, p. 216-223, 2014.

DOS SANTOS, S. L. et al. EFEITO DE PRODUTOS NATURAIS NO CONTROLE DE OÍDIO EM FOLHAS DESTACADS DE SOJA. In: Congresso de Ciência e Tecnologia da UTFPR Campus Dois Vizinhos. 2017, p. 31-33.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. INFORMAÇÃO TECNOLÓGICA. **Origem e evolução de plantas cultivadas.** Brasília, DF, 2008. 909 p. Editores técnicos, Rosa Lía Barbieri, Elisabeth Regina Tempel Stumpf.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja** - Região Central do Brasil 2014. SISTEMA DE PRODUÇÃO, n. 16. Londrina: Embrapa Soja, out. 2013. 265 p.

FARIA, P. N. et al. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Piracicaba, v. 30, n. 3, p. 428-432, set. 2012.

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

FERRAUDO, A. S. **Técnicas de Análise Multivariada** - uma introdução. Treinamento. Jaboticabal, SP, 2014.

FERREIRA JÚNIOR, J. A. et al. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**. Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera,** Goiânia, v. 7, n. 12, p.1-12, 2011.

GONÇALVES, E. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; DI MAURO, A. O. Avaliação da reação de genótipos de soja ao oídio em diferentes condições. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 35, n. 2, p. 151-153, 2009.

GLASENAPP, J. S. et al. Diversidade de características agronômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsorapa chyrhizi*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015.

GRIGOLLI, J. F. J et al. Manejo de Doenças na Cultura da Soja. In: PITAL, C. et al. **Tecnologia e produção**: soja 2014/2015. Curitiba: Fundação Ms, 2015, cap. 8, p. 134-156.

IGARASHI, S. et al. Danos causados pela infecção de oídio em diferentes estádios fenológicos da soja. **Arquivo do Instituto Biológico de São Paulo**, v. 77, n. 2, p. 245-250, 2010.

ITO, M. F. Principais doenças da cultura da soja e manejo integrado. **Nucleus**, v. 10, n. 3, 2013.

JULIATTI, F. C.; POLIZEL, A. C.; JULIATTI, F. C. Manejo integrado de doenças na cultura da soja. Uberlândia, 2004. 327 p.

JULIATTI, F. C. et al. Severidade de doenças fúngicas foliares em genótipos de soja em três locais de plantio. **Bioscience Journal**, v. 22, n. 1, 2006.

JÚNIOR, J. A. F. et al. Genetic diversity in advanced soybean strains derived from biparental, four-way and eight-way crosses. **Revista Ciência Agronômica**. Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, jun. 2015.

LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015.

LEITTE, W. de S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**. São Paulo, v. 7, n. 3, p. 302-310, 27 dez. 2016. Lepidus Tecnologia.

LEHMAN, S. G. Powdery mildew of soybean. **Journal of Elisha Mitchell Science Society**, v. 46, p. 190-195, 1931.

LOHNES, D.G.; BERNARD, R. L. Inheritance of resistance to powdery mildew in soybeans. **Plant Disease**, v. 76, n. 9, p. 964-965, 1992.

LOHNES, D. G.; NICKELL, C. D. Effects of powdery mildew alleles Rmd-c, Rmd, and rmd on yield and other characteristics in soybean. **Plant Disease**, v. 78, p. 299-301, 1994.

MACHADO, B. Q. V. et al. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 33, n. 6, p.1419-1430, dez. 2017.

MACHADO, A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 9, n. 1, 2014.

MARCONATO, M. B. Diversidade fenotípica por meio de caracteres agronômicos em acessos de soja. 2014. 61 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2014.

MARTINS, C. C. et al. Methodology for the selection of soybean strains for germination, vigour and field emergence. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 47, n. 3, p. 455-461, 2016.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja**: do plantio à colheita. Viçosa: UFV, 2015, p. 27-53.

MEDICE, R.; BETTIOL, W.; ALTÉA, U. Q. M. Efeito de bicarbonato de potássio sobre a severidade do oídio em plantas de soja. **Summa Phytopathologica**, p. 35-39, 2013.

- MIGNUCCI, J. S.; CHAMBERLAIN, D. W. Interactions of Microsphaera diffusa with soybeans and other legumes. **Phytopathology**, v. 68, p. 169-173, 1978.
- NOGUEIRA, A. P. O. et al. Morfologia, Crescimento e Desenvolvimento. In: SEDIYAMA, Tuneo. **Tecnologias de produção e usos da soja.** Londrina: Mecenas Ltda., 2009, cap. 2, p. 5-7.
- NOGUEIRA, A. P. O; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; OSAKI, M.; BATALHA, **Doenças da soja**: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo. Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.
- OLIVEIRA, S. M. de et al. Caracteres agronômicos e divergência genética entre genótipos de soja. **Enciclopédia Biosfera,** Centro Científico Conhecer Goiânia, v. 10, n. 18, p. 759-769, jul. 2014.
- PARRA, R. M. A et al. Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos de soja. 2011. 98 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- PELUZIO, J. M. et al. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista de Ciências Agrárias / Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014.
- PEREIRA, D. G. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados para resistência ao oídio. Ciência rural, v. 38, n. 7, p. 1836-1842, 2008.
- PEREIRA, D. G. et al. Adaptabilidade e estabilidade de reação de genótipos de soja ao oídio, em casa de vegetação. **Bioscience Journal**, v. 25, n. 1, 2009.
- PEREIRA, D. G. et al. Avaliação da severidade do oídio [*Erisyphe diffusa* (U. Braun & S. Takam)] em genótipos de soja, em condições de campo. **Revista Caatinga**, v. 25, n. 3, p. 25-30, 2012.
- PEREIRA, A. A. Caracterização molecular do loco Red associado à resistência ao oídio. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Viçosa. 2015.
- PERINI, L. J. et al. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semana**: Ciências Agrárias, Londrina, v. 33, n.1, p. 2531-2544, 2012.
- POLIZEL, A. C. et al. Desempenho agronômico de genótipos de soja de ciclo semiprecoce / médio em Rondonópolis. **Enciclop. Bio**, v. 9, p. 986-993, 2013.
- RAMPAZZO, L. S.; BASSAY, B. L. E. Reação de cultivares de soja à mancha parda sob diferentes técnicas de manejo. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 3, 2014.
- REINA, E. et al. Genetic divergence and phosphorus use efficiency in the soybean with a view to biodiesel production. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 2, p. 344-350, 2014.

RIGON, J. P. G. et al. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, p. 233-240, 2012.

ROMANATO, F. N. Correlações fenotípicas e genotípicas, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. 2013. 60 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2013.

SANTOS, E. R. et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, p. 755-764, 2011.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2009, p. 897-930.

SEDIYAMA, T. et al. Importância econômica da semente. In: SEDIYAMA, Tuneo. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas Ltda., 2013, cap. 1, p. 11.

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A. soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Produtividade da Soja.** Mecenas: Londrina, 2016, p. 11-18.

SILVA, A. F. et al. Correlation and path analysis of soyben componentes. In: **International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences**, Foster City, v. 5, n. 1, p. 177-179, 2015.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New York, v. 41, p. 237-245, 1981.

SOUSA, L. B. et al. Genetic variability among soybean biparental crosses evaluated by multivariate analysis. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 5, p. 1404-1412, 2015.

SHANER, G.; FINLEY, R. F. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing in know wheat. **Phytopathology**, St. Paul, v. 70, p. 1183-86, 1977.

USDA. UNITED STATES. **Department of Agriculture**. Market and trade data. 2018. Disponível em: https://www.usda.gov/>. Acesso em: 8 abr. 2018.

VASCONCELOS, E. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semana**: Ciências Agrárias, v. 33, n. 1, 2012.

VIANNA, V. F. et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **Academic Journals**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.