

# DIVERSIDADE DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E MOLECULARES EM CULTIVARES DE SOJA COM DIFERENTES GRAUS DE RESISTÊNCIA À *PHAKOPSORA PACHYRHIZI*

## DIVERSITY OF AGRONOMIC AND MOLECULAR TRAITS OF THE SOYBEAN CULTIVARS WITH DIFERENT LEVELS OF *PHAKOPSORA PACHYRHIZI* RESISTANCE

Jacqueline Siqueira GLASENAPP<sup>1</sup>; Tuneo SEDIYAMA<sup>2</sup>; Cosme Damião CRUZ<sup>3</sup>; Eder MATSUO<sup>4</sup>; Sergio Herminio BROMMONSCHENKEL<sup>5</sup>; Rita de Cássia Teixeira OLIVEIRA<sup>6</sup>; Osvaldo Toshiyuki HAMAWAKI<sup>7</sup>.

1. Pós-doutora bolsista CNPq, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG, Brasil. [siqueiragaia@yahoo.com.br](mailto:siqueiragaia@yahoo.com.br); 2. Professor Titular, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG, Brasil; 3. Professor Titular, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG, Brasil; 4. Doutor em Genética e Melhoramento Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG, Brasil; 6. Pesquisadora Bacuri Pesquisa e Sementes, Viçosa, MG, Brasil; 7. Professor Associado, Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, MG, Brasil.

**RESUMO:** Com o intuito de orientar melhoristas na escolha de parentais visando à resistência à ferrugem-asiática associada a características de interesse econômico, foram avaliados 17 genótipos de soja quanto às características agronômicas e moleculares por meio de marcadores microssatélites. Foram instalados dois experimentos, o primeiro inoculado com ferrugem-asiática e o segundo sem inoculação. A média de alelos por loco foi igual a 4,56, sendo verificados alelos exclusivos nas cultivares TMG 801, UFUS Impacta, UFUS Xavante, Conquista, BRSGO 7860RR, A 7002 e UFVTN 104. Por meio do índice ponderado, com base no polimorfismo molecular, verificou-se o maior valor de similaridade para as cultivares Conquista e BRS Valiosa RR. O peso médio de 100 sementes foi igual a 14,56g no experimento com ferrugem-asiática, e 18,0g no experimento sem ferrugem-asiática. As médias da proporção de lesões nos folíolos infectados por ferrugem-asiática ocorreram entre 11,48% a 47,18%. Com base nos resultados pôde-se concluir que existe substancial variabilidade genética no germoplasma da soja em relação aos alelos potencialmente ligados aos genes de resistência à ferrugem-asiática. Visando a resistência ou tolerância à ferrugem-asiática associada a características econômicas de interesse seriam mais indicados os cruzamentos das cultivares UFVTN 104 com TMG 801 e/ou UFUS Impacta, Conquista com UFUS Xavante, e UFUS 8011 com BRSGO 7560 e/ou TMG 803.

**PALAVRAS- CHAVE:** Diversidade genética. *Glycine max*. Melhoramento genético.

## INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes culturas na economia mundial. Seus grãos são extensivamente utilizados pela agroindústria, indústria química e de alimentos. Além disso, sua aplicação como fonte alternativa de biocombustível vêm crescendo consideravelmente (COSTA NETO; ROSSI, 2000). Entretanto, dentre as doenças que atualmente provocam perdas econômicas substanciais na cultura da soja, destaca-se a ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi*), com ocorrência relatada pela primeira vez na safra 2000/01 (YORINORI et al., 2002). Muitas pesquisas têm-se concentrado na obtenção de cultivares resistentes ao fungo causador da ferrugem-asiática da soja e até o presente momento já foram relatados na literatura cinco genes que condicionam resistência vertical: *Rpp1* (MCLEAN; BYTH, 1980), *Rpp2* (BROMFIELD; HARTWIG, 1980), *Rpp3* (HARTWIG; BROMFIELD, 1983),

*Rpp4* (HARTWIG, 1986) e *Rpp5* (GARCIA et al., 2008). Adicionalmente, foram identificados no loco *Rpp1* alelos alternativos de resistência e mais alelos alternativos provavelmente existam nos outros locos (RAY et al. 2011).

A manutenção e detecção da diversidade de espécies cultivadas assegura procedimentos de proteção contra pragas e doenças, e fornecem a base para ganhos genéticos futuros (VAN ESBROECK; BOWMAN, 1998). Muitos trabalhos de caracterização da diversidade de cultivares de várias espécies de plantas como cebola, soja, algodão, banana dentre outras, têm sido realizados com o uso de marcadores Sequências Simples Repetidas (SSR) (SANTOS et al. 2010; VIEIRA et al, 2009; AMORIM et al, 2008; MENEZES et al. 2008). Hyten et al. (2007) identificaram os marcadores SSR Sct\_187 e Sat\_064 ligados aos gene de resistência á ferrugem-asiática da soja *Rpp1*. Silva et al. (2008) detectaram os iniciadores Sat\_255 e Satt620, próximos ao gene *Rpp2*, e o iniciador

Satt288 e AF162283 flanqueando o gene *Rpp4*. Um alelo recessivo (*rpp2*) foi mapeado por Garcia et al., (2008), entre os marcadores Satt\_215 e Sat\_361. O gene *Rpp3* foi alocado entre os iniciadores Satt460 e Sat\_263 (HYTEN et al., 2009).

Assim, com o intuito de orientar melhoristas na escolha de parentais, este trabalho teve como objetivo o avaliar a diversidade genética da soja quanto à resistência para a ferrugem-asiática visando à caracterização de materiais genéticos que apresentem resistência ou tolerância à ferrugem-asiática associada à alta produtividade, e a elevados teores de óleo ou proteína para consumo humano.

## MATERIAL E MÉTODOS

Na quantificação da diversidade genética foram utilizadas cultivares de soja com diferentes níveis de resistência à ferrugem-asiática. O conjunto de 17 genótipos foi cedido pela empresa de melhoramento genético Bacuri, pela Universidade Federal de Viçosa (UFV) e pela Universidade Federal de Uberlândia (UFU). As cultivares foram dispostas nos experimentos denominados Experimento I (Exp. I) e Experimento II (Exp. II), em delineamento inteiramente casualizados com 9 repetições. As sementes foram semeadas em vasos plásticos com aproximadamente 3 L de capacidade, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. As plantas do Exp. I foram inoculadas com *Phakopsora pachyrhizi* entre os estádios V<sub>4</sub> e V<sub>5</sub>. No Exp. II não foi procedida à inoculação. Para inoculação do Exp. I foi utilizada uma suspensão ajustada para 15x10<sup>4</sup> uredósporos/mL, dispersos em água destilada com Tween (0,5%). Os isolados foram obtidos a partir de uma mistura de esporos que naturalmente infectam as cultivares suscetíveis no Campo Experimental Diogo Alves de Melo da UFV.

Na extração do DNA foram utilizadas folhas jovens provenientes de três plantas de cada variedade representada no Exp. II. Foi adotado o protocolo indicado por Doyle & Doyle (1990), com algumas modificações. Inicialmente, entre 100 a 200 mg de uma folha de cada cultivar foram pulverizadas em nitrogênio líquido, sendo o pó transferido para tubos de 2,0 mL previamente congelados. À cada tubo acrescentou-se 800 µL de Tampão CTAB, sendo os mesmos agitados em vortex para homogeneização. Os tubos foram incubados em banho-maria a 65°C por 30 min e após este tempo os tubos foram deixados esfriar até a temperatura ambiente. Foram adicionados 700 µL de Cloroformio:Alcool Isoamilico (CIA) na proporção 24:1. Os tubos foram novamente agitados

em vortex por cerca de 1 min. e logo em seguida centrifugados a 14.000 rpm por 10 min. O sobrenadante foi transferido (600-700 µL) para um tubo de 1,5 mL e adicionado isopropanol gelado (2-propanol) na proporção 1:1 e Acetato de Sódio 10% (3 M pH 5,2). Os tubos foram suavemente invertidos e incubados a -20°C por um período de 2 a 3 horas. Logo em seguida os tubos foram centrifugados a 14000 rpm por 10 min., o sobrenadante foi desprezado e cada pelet lavado duas vezes em etanol 70% (500 µL) e uma vez em etanol 95% (500 µL). O precipitado foi seco no dessecador a vácuo por cerca de 8 min. e ressuspenso em 100 µL de TE contendo RNase na concentração de 40ug/mL, sendo logo após, incubado a 37° por 30 min. Depois que todo o DNA havia sido ressuspenso foi adicionado 70 µL de isopropanol gelado e 10% do volume (17-20 µL) de acetato de Sódio (3 M pH 5,2). Os tubos foram homogeneizados e incubados a 4°C por cerca de 14 horas (*Over night*) e posteriormente foram centrifugados a 14000 rpm por 10 min. e o sobrenadante foi desprezado. Cada pelet foi lavado duas vezes com etanol 70% (500 µL) e uma vez (500 µL) com etanol 95%. O precipitado foi seco no dessecador a vácuo por cerca de 8 min. e ressuspenso em 50 µL de TE contendo RNase na concentração de 40ug/mL e acondicionado a -20°C. Após a extração foi verificou-se a quantidade e qualidade do DNA por meio da aplicação das amostras de DNA em gel de agarose 1%, tratado com brometo de etídio e fotografado com o ImageMaster VDS (Pharmacia Biotech), sob luz ultra-violeta.

Na análise do polimorfismo foram utilizados marcadores SSR conhecidamente ligados aos locos de resistência à ferrugem-asiática. As reações de amplificação foram compostas por: 11,4 µL de água milli-Q estéril, 2,0 µL de tampão 10X, 0,8 µL de dNTPs, 0,6 µL do *primer*, 0,2 µL de Taq e 5,0 µL de DNA. A amplificação foi realizada em termociclador e consistiu de: 1 ciclo de 5 min. para desnaturação a 94°C, 40 ciclos de 40 segundos a 94°C, 40 segundos em temperatura dependente do iniciador e 40 segundos a 72 °C, seguidos de 1 ciclo de 25 min. para extensão final a 72 °C. A genotipagem foi efetuada em sequenciador automático de DNA modelo 3100.

As características agronômicas avaliadas foram: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (A1V), número de nós na haste principal (NN), número de vagens (NV), número de vagens chochas (NVC), número de vagens com 1 semente (NV1S), com 2 sementes (NV2S), com 3 sementes (NV3S) e com 4 sementes

(NV4S), peso total da planta (PT), peso das vagens com sementes (PVS), peso das sementes (PS) e número de sementes (NS) por planta. O peso médio de 100 sementes foi mensurado. Com exceção as cultivares P98 N31 e A 7002, as informações sobre

os valores médios dos teores de óleo e proteína das cultivares avaliadas neste estudo foram concedidas pelas empresas mantenedoras, ou obtidas por meios estudos publicados em periódicos científicos Tabela 1.

**Tabela 1.** Valores médios dos teores de óleo e proteína das cultivares avaliadas.

Cultivar	Óleo (%)	Proteína (%)	Fonte
TMG 123RR	17,70	40,20	Tropical Melhoramento e Genética (TMG)
TMG 801	18,20	38,80	
TMG 803	21,40	37,00	
UFUS Impacta	19,00	39,00	www.pmsoja.iciag.ufu.br
UFUS Xavante	20,00	38,00	
UFUS Riqueza	19,00	39,00	
UFUS 8011	23,00	38,00	
UFUS Milionária	21,09	40,24	Marques et al., 2011
Conquista	19,70	42,80	www.cnpso.embrapa.br
BRS Valiosa RR	19,40	40,80	
BRSO 7560	21,36	38,88	EMBRAPA Soja
BRSO 7860RR	27,87	38,55	
BRS 252	22,43	41,25	
UFVTN 102	19,98	41,81	*Oliveira <i>et al.</i> , 2011
UFVTN 104	20,59	41,04	

\*Teores de óleo e proteína originalmente mensurados em g/kg<sup>-1</sup> transformados em %.

Para avaliação de resistência dos genótipos à ferrugem-asiática foram procedidas estimativas da proporção da área lesionada no folíolo mais infectado utilizando-se a escala diagramática sugerida por Godoy et al. (2006). O progresso da ferrugem em direção a porção superior da planta foi mensurado por meio de uma escala de notas entre 1 e 5. Cada planta foi dividida visualmente em quatro partes, com início na parte inferior em direção ao ápice da planta. As notas entre 1 a 2 significaram o aparecimento da lesão em 0 a 25% da altura planta. Notas de 2 a 3, foram referentes ao aparecimento da lesão entre 25 a 50%, notas entre 3 e 4 ao aparecimento da lesão entre 50 a 75% e notas entre 4 e 5 ao aparecimento da lesão entre 75 a 100%. Ao todo foram efetuadas 9 avaliações com intervalos de 3 dias entre avaliações. As lesões formadas nas folhas devido à reação da soja à ferrugem-asiática foram classificadas nos tipos castanho-claras (TAN), caracterizando as plantas suscetíveis e em castanho-avermelhadas (RB), típicas de plantas resistentes (ZAMBENEDETTI et al., 2007).

A área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foi estimada para as variáveis severidade (% de infecção no folíolo mais infectado) e evolução da doença (progresso em direção a parte superior das plantas) para cada genótipo, através da equação proposta por Campbell e Madden (1990):

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{y_{i+1} + y_i}{2} (T_{i+1} - T_i)$$

Onde,  $n$  é igual número de avaliações,  $y_i$  é a proporção da doença na  $i$ -ésima avaliação, e  $T_i$  significa o tempo em dias no momento da  $i$ -ésima avaliação.

Com o intuito verificar estatisticamente diferenças de médias fenotípicas entre ambientes a análise de variância (ANOVA) foi procedida utilizando-se o esquema fatorial simples, sendo o fator A os ambientes e o fator G os genótipos, considerando a natureza do modelo fixo. Na análise da interação Genótipos x Ambientes (GxA), a homogeneidade das variâncias residuais foi testada pelo teste F máximo de Hartley (1950), dado por  $F_m = (\text{Maior } \sigma^2) / (\text{Menor } \sigma^2)$ . Não se rejeitando a hipótese de homogeneidade das variâncias residuais foi realizada a ANOVA conjunta dos ambientes. A significância da interação GxA foi testada pelo teste  $F = \text{QMGA} / \text{QMR}$ , em que QMGA é o quadrado médio da interação genótipo por ambiente, e QMR é o quadrado médio do resíduo. Os valores dos coeficientes de correlação fenotípica ( $r$ ) entre ambientes foram obtidos pela equação  $r = \text{Cov}(X, Y) / \sqrt{\text{V}(X)\text{V}(Y)}$ . Resultados significativos de interação GxA foram decompostos nas partes simples e complexas, utilizando a decomposição do quadrado médio da interação conforme proposto por Cruz e Castoldi (1991).

Considerando-se a dissimilaridade das características agronômicas entre cultivares, foi efetuado o método de agrupamento ligação média entre grupo (UPGMA) utilizando-se a matriz de distância generalizada ( $D^2$ ) de Mahalanobis. A contribuição relativa dos caracteres para diversidade foi avaliada utilizando o critério de Singh (1981), baseado na matriz  $D^2$  de Mahalanobis.

Foi efetuada a ANOVA dos dados relacionados à proporção da área infectada nos folíolos mais infectado e ao progresso da ferrugem em direção a porção superior da planta, sendo as médias agrupadas pelo teste de Agrupamento Scott e Knott a 5% de probabilidade. A similaridade molecular entre cultivares foi calculada pelo índice ponderado dado por:  $S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$ . Em que  $L$  é número total de locos estudados;  $c_j$  é igual ao número de alelos comuns entre os pares de acessos  $i$  e  $i'$ . Em que  $p_j = \frac{a_j}{A}$  é o peso associado ao loco  $j$ , determinado por  $a_j$  (número total de alelos do loco  $j$ ) e  $A$  (número total de alelos estudados), sendo  $\sum_{j=1}^L p_j = 1$ . As medidas de dissimilaridade da matriz utilizada no agrupamento (UPGMA) foram definidas pelo complemento do índice ponderado  $D = 1 - S$  (CRUZ et al., 2011). De maneira geral, podemos determinar o número de grupos com base

na inspeção visual das ramificações do dendrograma ou recorrer a algum procedimento estatístico (Cruz et al., 2011). Neste trabalho o objetivo do agrupamento não foi definir grupos por meio de pontos de corte, e sim representar a dissimilaridade de marcadores SSR e características agronômicas entre cultivares. Desta forma, as diferenças entre cultivares na análise visual do dendrograma foram discutidas com base na porcentagem de dissimilaridade não sendo utilizado nenhum método estatístico para definição de pontos de corte. Na análise dos dados foi utilizado o aplicativo computacional em genética e estatística, o Programa Genes (CRUZ, 2008).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os 21 marcadores SSR avaliados foram polimórficos entre cultivares os iniciadores Satt191, Satt622, Satt708, Satt460, Satt612, Sct\_187, Sat\_165, Satt620 e Sc21\_3360. Os alelos pertinentes a cada marcador SSR foram designados por letras maiúsculas em ordem alfabética iniciando a partir dos alelos mais comuns aos mais raros para cada marcador (Tabela 2). Não houve sucesso na extração do DNA genômico das cultivares UFUS Milionária e UFUS Riqueza, sendo as mesmas excluídas das análises moleculares.

**Tabela 2.** Marcadores microssatélites polimórficos utilizados nas avaliações das 15 cultivares de soja e tamanho dos fragmentos amplificados.

Cultivares	Marcadores Microssatélites									
	Satt 191	Satt 622	Satt 708	Satt 460	Satt 612	Sct_ 187	Sat_ 165	Satt 620	Sc21 3360	
TMG 801	A	E	A	C	D	A	C	B	A	
TMG 803	D	A	B	A	A	A	A	A	A	
BRSGO 7560	A	F	C	B	B	A	A	B	C	
UFUS Impacta	A	C	D	D	A	A	D	A	D	
UFUS Xavante	D	D	A	A	B	A	E	C	C	
UFUS 8011	A	A	B	A	C	A	A	A	D	
BRS 252	A	A		C	B	A	A	A	E	
Conquista	A	A	C	F	A	A	A	A	E	
BRSGO 7860RR	B	B	B	E	A	B	A		B	
P98 N31	B	A	A	A	A	B	B	D	B	
A 7002	C	A	A	A	B	A	A	A	A	
TMG 123RR	B	B	A	A	A	A	A	A	B	
UFVTN 102	A	B	A	A	C	A	B	A	C	
UFVTN 104	D	A	B	A	B	C	A	A	-	
BRS Valiosa RR	A	A	C	B	A	A	A	A	E	
* Tamanho dos Fragmentos Amplificados	A B C	202 221 224	226 183 219	231 240 226	137 106 109	234 228 244	140 142 138	232 194 228	310 301 308	249 326 305

D	206	213	230	150	235	224	311	310
E		210		136		223		250
F		229		107				

\* Tamanho em nº de pares de bases.

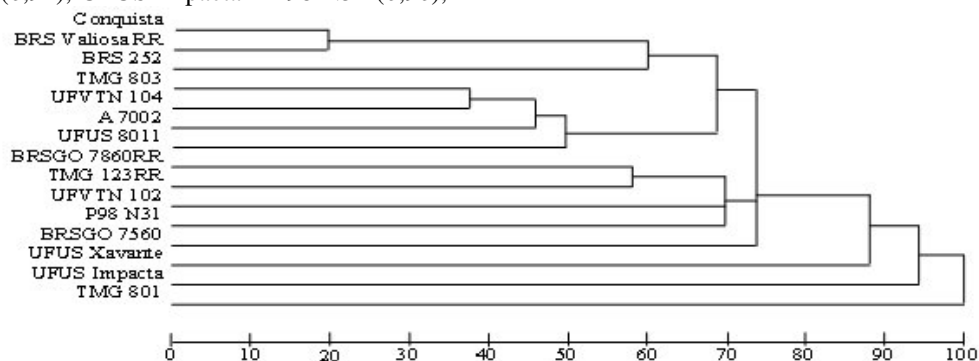
O número médio de alelos por loco foi 4,56, variando de 3 alelos para o iniciador Sct\_187 a 6 alelos para os iniciadores Satt622 e Satt460. Para a cultivar TMG 801 foi verificado um alelo exclusivo em cada um dos locos microssatélites Satt622, Satt612 e Sat\_165. A cultivar UFUS Impacta foi a mais diversa, apresentando um alelo exclusivo para cada um dos marcadores microssatélites Satt622, Satt708, Satt460 e Sat\_165. A cultivar UFUS Xavante teve 2 alelos exclusivos nos locos SSR Sat\_165 e Satt620. Para as cultivares Conquista e BRSGO 7860RR foi verificado um alelo exclusivo no loco Sat\_460. Nas cultivares BRSGO 7560, P98 N31, A 7002 e UFVTN 104 foi verificado um único alelo exclusivo em cada um dos locos Satt622, Satt620, Satt191 e Sct\_187, respectivamente.

Embora alguns trabalhos tenham constatado a estreita variabilidade genética da soja (HIROMOTO; VELLO, 1986; ABDELNOOR et al., 1995), neste estudo o polimorfismo dos marcadores SSR permitiu identificar geneticamente as cultivares, demonstrando que ainda existe substancial variabilidade genética no germoplasma da soja, em relação aos alelos potencialmente ligados aos genes de resistência a ferrugem-asiática.

Utilizando-se o complemento do índice ponderado com base nos dados moleculares, verificou-se média de dissimilaridade entre cultivares igual a 0,66, com menor valor de dissimilaridade (0,15) verificado para as cultivares Conquista e BRS Valiosa RR, as quais apresentaram o maior número de alelos comuns (16). Valores iguais ou acima de 0,90 de dissimilaridade foram observados para as cultivares TMG 801 x P98 N31 (0,90), TMG 801 x UFVTN 104 (0,93), UFUS Impacta x UFUS Xavante (0,92), UFUS Impacta x P98 N31 (0,90),

UFUS Impacta x UFVTN 104 (0,90), UFUS Xavante x Conquista (0,92) e UFUS Xavante x BRS Valiosa RR (0,92). O valor máximo de dissimilaridade (1,0) foi observado entre os pares de cultivares BRSGO 7560 x P98 N31, UFUS Xavante x BRSGO 7860RR, e TMG 801 x BRSGO 7860. Em um estudo da variabilidade genética da soja realizado Vieira et al. (2009), utilizando 53 locos SSR, os valores de dissimilaridade para o complemento do índice ponderado ocorreram entre 0,02 a 0,73, com média 0,47.

Ainda com base no complemento do índice ponderado foi procedido o agrupamento UPGMA das cultivares. Observou-se que de forma geral as cultivares foram bastante dissimilares em relação aos marcadores SSR conhecidamente ligados aos genes de resistência à ferrugem-asiática. O índice ponderado é uma medida da proporção de alelos compartilhados entre dois genótipos, as distâncias apresentadas no dendrograma indicam estes valores no eixo da abscissa em relação à dissimilaridade de 100% no último nível de fusão (Figura 1). A 40% de dissimilaridade todas as cultivares constituíram grupos isolados exceto por 2 grupos, o primeiro formado pelo agrupamento das cultivares Conquista e BRS Valiosa RR, o segundo pelo agrupamento das cultivares TMG 803 e UFVTN 104. Considerando 80% de dissimilaridade foi verificado um grande grupo formado por todas as cultivares exceto, UFUS Xavante, UFUS Impacta e TMG 801, onde cada uma constituiu um grupo isolado. No estudo da variabilidade genética da soja realizado por Vieira et al. (2009), por meio da técnica de agrupamento UPGMA, o conjunto de 53 locos SSR utilizados distinguiu completamente as cultivares avaliadas a 50% dissimilaridade.



**Figura 1.** Método de agrupamento: Ligação Média entre Grupos (UPGMA) com base nos marcadores SSR avaliados em 15 cultivares de soja. O eixo da abscissa representa a dissimilaridade em relação o último nível de fusão (100%).

Na Tabela 3 estão contidos os dados da ANOVA das características agronômicas, excluindo a cultivar UFVTN 104 devido à perda das repetições (morte das plantas). Os valores dos CV ocorreram entre 10,96% a 120,07% no Exp. I, apresentando maior amplitude no Exp. II (9,44% a 241,75%). Os coeficientes de determinação genotípica foram

elevados, mostrando-se superiores a 77% no Exp. I e a 51% no Exp. II, mostrando que a maior parte da variação fenotípica observada foi de origem genética, os menores valores foram verificados para a característica NV1S, e os maiores valores foram observados para NV4S e NN considerando os experimentos I e II, respectivamente.

**Tabela 3.** Médias e testes F para tratamentos, coeficientes de variação (CV) e coeficientes de determinação genotípica ( $H^2$ ) das características agronômicas avaliadas nos experimentos com (Exp. I) e sem ferrugem-asiática (Exp. II).

<sup>a</sup> Característica agronômicas	Médias		F	CV%		$H^2$	
	Exp. I	Exp. II		Exp. I	Exp. II	Exp. I	Exp. II
APM	1,26	0,90	18,17**	12,10	14,87	97,11	95,04
NN	12,75	12,38	4,74**	10,96	9,44	81,67	95,15
A1V	0,42	0,30	12,57**	23,52	34,20	96,76	87,04
PT	10,89	12,52	6,61**	26,55	27,74	89,12	84,60
NVC	2,89	0,80	11,03**	75,53	125,11	93,26	60,57
NV1S	2,68	3,32	3,48**	80,18	80,79	77,64	51,32
NV2S	11,21	10,92	7,06**	33,75	39,19	93,39	84,18
NV3S	3,84	5,04	5,84**	52,15	56,29	86,88	89,17
NV4S	0,30	0,18	9,44**	120,07	241,75	99,00	94,21
PVS	7,94	10,27	7,77**	28,44	29,42	91,26	82,30
PS	5,5	7,26	8,80**	29,33	29,14	91,64	82,71
NS	37,77	40,80	4,66**	25,76	30,05	88,66	86,60

<sup>a</sup> Altura da planta na maturidade (AMP), nº de nós (NN), altura da 1ª vagem (A1V), peso total (PT), nº de vagens chochas (NVC), nº de vagens c/ 1 semente (NV1S), nº de vagens c/ sementes (NV2S), nº de vagens c/ 3 sementes (NV3S), nº de vagens c/ 4 sementes (NV4S), peso das vagens c/ sementes (PVS), peso das sementes (PS), nº de sementes (NS); as características APM e A1V foram mensuradas em metros (m) e PT, PVS e PS em gramas (g). Diferenças entre médias de ambientes, testadas pelo teste F, \*\*: significativo a 1%.

As variáveis A1V e a APM são características importantes que permitem a colheita mecanizada, A1V deve ser em torno de 12 a 15 cm e a APM deve ser, preferencialmente, maior que 65 cm (QUEIROZ et al., 1981; YOKOMIZO, 1999), estes requisitos foram constatados nas cultivares avaliadas neste estudo. Do total de vagens quantificadas no Exp. I, as vagens com 1, 2, 3 e 4 sementes corresponderam a 15%, 62%, 21% e 2,0%, respectivamente. No Exp. II as vagens com 1, 2, 3 e 4 sementes, corresponderam a 17,10%, 56%, 26% e 0,90% do total de vagens com sementes avaliadas, respectivamente. Em ambos os experimentos foram verificadas vagens com 2 sementes em maior proporção que as demais. Estes resultados são similares aos obtidos por Menezes et al. (1997) em um trabalho de caracterização de 22 cultivares soja, onde as vagens com 2 sementes (65%) foram mais frequentes que as vagens com 3 (25%) e com 1 sementes (8,8%).

Em um estudo do desempenho de cultivares de soja de ciclos precoce, médio e semitardio/tardio em três épocas de semeadura Bonato et al. (1998), verificaram o peso médio de 100 sementes igual a 17,1g. Menezes et al. (1997), no estudo da

caracterização de 22 cultivares de soja verificaram peso médio de 100 sementes igual a 18,0g. Neste estudo o peso médio de 100 sementes foi igual a 14,56g no Exp. I, e 18,00g no Exp. II. Desta forma, fica evidente a redução dos componentes de rendimento no ambiente com ferrugem-asiática.

Utilizando o critério de Singh (1981), foi estimada a contribuição relativa das características agronômicas para diversidade. As características NV4S (43,86%), APM (13,83%) e PS (12,45%) foram as que mais contribuíram para a diversidade no Exp. I. As características APM (17,56%), PS (14,24%) e NV4S (14,45%) foram as que mais contribuíram no Exp. II. As variáveis PVS e PT foram as que menos contribuíram para diversidade no Exp. I e Exp. II, respectivamente.

Foram verificados resultados significativos para o estudo da interação Genótipos por Ambientes (GxA), pelo teste F, para todas as variáveis (Tabela 4). Os valores dos coeficientes de correlação fenotípica (r) foram significativos somente para as características NN e NV4S. Os quadrados médios da interação Genótipos x Ambientes (QMGA) foram decompostos em suas partes simples e complexas, sendo verificada a predominância da

interação do tipo complexa na maioria das características: APM (73,31%), NN (44,65%), A1V (55,42%), PT (94,11%), NVC (27,95%), NV1S (100%), NV2S (78,93%), NV3S (77,11%), NV4S (0,33%), PVS (100%), PS (100%) e NS (76,53%).

A interação do tipo simples não dificulta grandemente a seleção dos genótipos promissores, pois há possibilidade de ganhos nos diferentes ambientes. A interação do tipo complexa indica a

inconsistência da superioridade de genótipos frente à variação ambiental, o que dificulta a seleção dos genótipos (Cruz et al. 2004). Por apresentarem interação predominantemente simples, a eliminação de genótipos com base no NVC e seleção de genótipos para a característica NV4S, poderiam constituir estratégia de ganhos em ambientes com ferrugem-asiática.

**Tabela 4.** Resultados do estudo da interação Genótipos e Ambientes (GxA) para características de agronômicas avaliadas nos experimentos com e sem ferrugem-asiática. Quadrados médios da interação genótipos ambientes (QMGA), quadrados médios do resíduo (QMR), testes F de significância ( $F=QMGA/QMR$ ), componentes de variância da interação Genótipos x Ambientes ( $\sigma^2_{GxA}$ ), componentes de variância da genotípica ( $\sigma^2_G$ ) e coeficientes de correlação fenotípica (r).

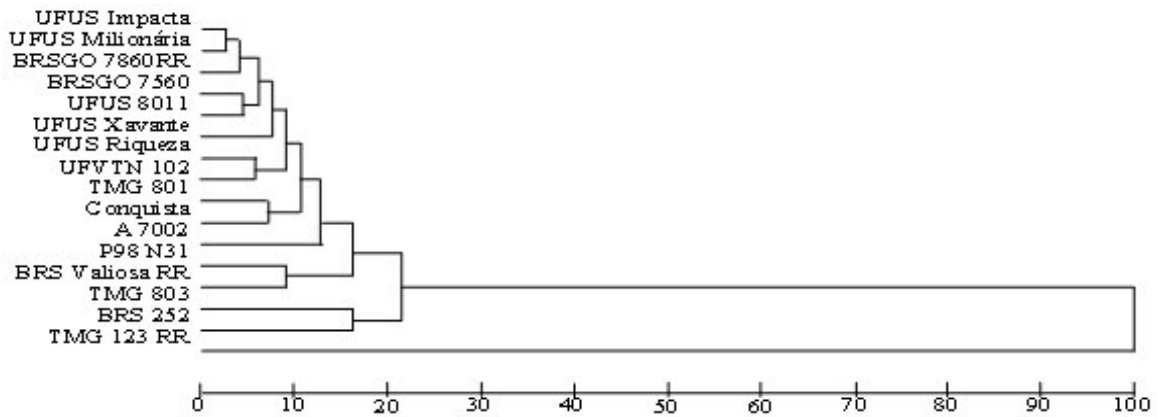
<sup>a</sup> Características de Agronômicas	QMGA	QMR	F	$\sigma^2_{GxA}$	$\sigma^2_G$	<sup>b</sup> r
APM	0,40	0,02	19,37**	0,02	0,04	0,34 ns
NN	8,10	1,66	4,88**	0,36	1,61	0,65**
A1V	0,13	0,01	15,56**	0,01	0,014	0,41 ns
PT	67,55	10,22	6,61**	3,88	5,30	0,13 ns
NVC	34,18	2,88	11,84**	0,83	0,49	-0,17 ns
NV1S	20,83	5,92	3,51**	0,24	0,25	0,01 ns
NV2S	113,75	16,34	6,96**	5,41	11,26	0,33 ns
NV3S	40,21	6,88	5,84**	1,85	3,93	0,33 ns
NV4S	1,60	0,16	9,60**	0,05	0,85	0,99**
PVS	53,84	6,99	7,70**	2,60	2,65	0,01 ns
PS	30,78	3,54	8,70**	1,51	1,43	-0,08 ns
NS	579,38	122,54	4,73**	25,38	69,74	0,41 ns

<sup>a</sup> Altura da planta na maturidade (APM), n° de nós (NN) da haste principal, altura da 1ª vagem (A1V), peso total (PT), n° de vagens chochas (NVC), n° de vagens c/ 1 semente (NV1S), n° de vagens c/ sementes (NV2S), n° de vagens c/ 3 sementes (NV3S), n° de vagens c/ 4 sementes (NV4S), peso das vagens c/ sementes (PVS), peso das sementes (PS), n° de sementes (NS); <sup>b</sup> Coeficientes de correlação fenotípica (r) das características agronômicas testados pelo teste t; \*\*, \* significativos a 1%.

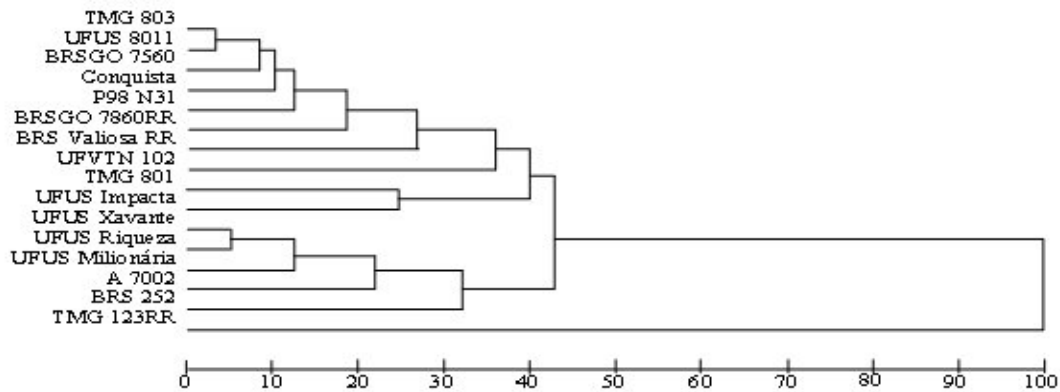
Nas Figuras 2 e 3 podem ser observados os dendrogramas obtidos por meio da técnica de agrupamento UPGMA com base nas características agronômicas avaliadas nos experimentos I e II, respectivamente. O agrupamento foi procedido para ilustrar as diferenças na magnitude da expressão das características agronômicas em ambientes com e sem ferrugem, aparentemente o patógeno reduziu o potencial de diferenciação fenotípica, sendo verificados menos grupos distintos no agrupamento do experimento com ferrugem-asiática. Com 10% de dissimilaridade, foram formados 6 grupos no Exp. I e 12 grupos no Exp. II. Aos 20% de dissimilaridade foram verificados 3 grupos no Exp. I e 9 grupos no Exp. II. Com 30% de dissimilaridade foram observados 2 e 6 grupos nos experimentos I e II, respectivamente. Para valores acima 50% de dissimilaridade foram verificados um total de 2 grupos, em ambos os experimentos. Santos et al.

(2011), estudaram a divergência genética entre genótipos de soja cultivados em várzea irrigada e verificaram o agrupamento dos 48 genótipos estudados em 3 grupos distintos aos 30% de dissimilaridade.

A menor diversidade expressa pelas cultivares em relação às características agronômicas sob a ação da ferrugem-asiática foi bastante evidente para a característica NV4S onde foram verificadas vagens com 4 sementes para as cultivares TMG 803, UFUS 8011 e TMG 123RR no experimento sem ferrugem-asiática (Exp. II). A mesma característica só foi mantida no experimento com ferrugem-asiática (Exp. I) para a cultivar TMG 123RR (Tabela 3). De forma geral, a cultivar TMG 123RR mostrou-se mais diversa quanto às características agronômicas, constituindo um grupo separado das demais cultivares em ambos os experimentos (Figuras 2 e 3).



**Figura 2.** Método de agrupamento: Ligação Média entre Grupos (UPGMA) baseado nas 12 características agrônômicas avaliadas no experimento I. O eixo da abscissa representa a dissimilaridade em relação ao último nível de fusão (100%)



**Figura 3.** Método de agrupamento: Ligação Média entre Grupos (UPGMA) baseado nas 12 características agrônômicas avaliadas no experimento II. O eixo da abscissa representa a dissimilaridade em relação ao último nível de fusão (100%)

Na Tabela 5 podem ser observadas as médias da proporção de lesões nos folíolos infectados por ferrugem-asiática, as estimativas da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para as características severidade (% de infecção no folíolo mais infectado) e evolução da doença (progresso em direção a parte superior das plantas). Quanto ao progresso da doença (AACPD) para a característica severidade, foram verificados 4 grupos estatisticamente homogêneos pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade, com valores médios entre 11,48% a 47,18%.

As maiores médias foram verificadas para as cultivares UFVTN 104, UFUS 8011, UFUS Riqueza, Conquista e UFVTN 102, sendo as menores médias observadas para as cultivares resistentes TMG 801 e TMG 803 (Tabela 5). No estudo de resistência de genótipos de soja à

ferrugem-asiática Azevedo et al. (2007) e Polizel et al. (2011), verificaram 4 e 3 grupos distintos para a média dos dados AACPD, respectivamente. Na ANOVA da AACPD para a evolução da doença em direção a parte superior da planta, não foram verificadas diferenças significativas pelo teste F.



**Tabela 5.** Médias da proporção de lesões nos folíolos infectados por ferrugem-asiática e área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para as características severidade e evolução da doença.

Cultivar	Médias (%)	AACPD Severidade	AACPD Evolução
UFVTN 104	47,18	2914,09 a	133,05
UFUS 8011	44,21	2827,32 a	127,59
UFUS Riqueza	40,19	2492,40 a	127,55
Conquista	38,46	2465,28 a	130,50
UFVTN 102	38,36	2422,75 a	129,57
A 7002	35,24	2136,89 b	115,43
P98 N31	33,80	2020,78 b	148,21
UFUS Milionária	32,97	2008,84 b	126,17
TMG 123RR	31,87	1968,49 b	122,04
UFUS Xavante	31,44	1928,66 b	106,70
BRS 252	31,22	1935,68 b	124,58
BRSGO 7860RR	31,09	1943,82 b	125,59
UFUS Impacta	30,66	1918,53 b	117,82
BRS Valiosa RR	29,82	1877,83 b	121,80
BRSGO 7560	25,40	1581,32 c	142,31
TMG 803	16,12	966,48 d	115,85
TMG 801	11,48	703,37 d	114,75

Médias seguidas pelas mesmas letras constituem um grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade.

## CONCLUSÕES

Ainda existe substancial variabilidade genética no germoplasma da soja em relação aos alelos potencialmente ligados aos genes de resistência à ferrugem-asiática. Com o objetivo de aumentar a diversidade genética dos locos SSR potencialmente ligadas aos genes de resistência à ferrugem-asiática, seriam mais indicados os cruzamentos das cultivares UFUS Xavante, UFUS Impacta e TMG 801 com as demais cultivares. Seriam menos indicados os cruzamentos entre as cultivares Conquista x BRS Valiosa RR e TM 803 x UFVTN 104;

A eliminação de genótipos com base no número de vagens chochas e seleção de genótipos para a característica número de vagens com 4 sementes, poderia mostrar-se estratégia promissora para ganhos em ambientes com ferrugem-asiática.

Com o intuito de se obter cultivares que apresentem características econômicas de interesse e alta produtividade associada à tolerância ou resistência à ferrugem-asiática seriam mais indicados os cruzamentos: entre a cultivar UFVTN 104 com as cultivares TMG 801 e/ou UFUS Impacta, ou o cruzamento da cultivar UFVTN 102 com UFUS Xavante, para fins de consumo humano. O cruzamento entre as cultivares Conquista e UFUS Xavante, visando o aumento na quantidade de proteína e, para aumento da quantidade de óleo o cruzamento entre as cultivares UFUS 8011 e as cultivares BRSGO 7560 e/ou TMG 803.

## AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa de pós-doutorado. Ao Laboratório de Genômica de Fitopatógenos – BIOAGRO/UFV.

**ABSTRACT:** With intend to direct breeders in choose of parents for Asian soybean rust resistance associated with characteristics of interest economic, agronomic traits and microsatellite markers of 17 genotypes of soybean were evaluated in two experiments, one inoculated with soybean rust and the other without inoculation. The average of alleles per locus was 4.56. The cultivars TMG 801, UFUS Impacta, UFUS Xavante, Conquista, BRSGO 7860RR, A 7002 and UFVTN 104 exhibited exclusive alleles. The results of the weighted index using molecular markers show the major similarity for the cultivars Conquista and BRS Valiosa RR. The average weight of 100 seeds was equal 14.56g on the experiment with soybean rust and 18.0g on experiment without soybean rust. The average of proportion of infection by

soybean rust on the leaf range 11.48% to 47.18%. We conclude that there is substantial genetic variability on soybean germoplasm with relation the allele's potential linked for soybean rust resistance genes. With intend of associate Asian soybean rust resistance with economic interest characteristics will be indicated the mating among UFVTN 104 x TMG 801 and/or UFUS Impacta, Conquista x UFUS Xavante, UFUS 8011 x BRSGO 7560 and/or TMG 803.

**KEYWORDS:** Genetic diversity. *Glycine max.* Genetic improvement.

---

## REFERÊNCIAS

- ABDELNOOR, R. V.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 18, p. 265-273, 1995.
- AMORIM, E. P.; REIS, R. V.; SANTOS-SEREJO, J. A.; AMORIM, V. B. O.; SILVA, S. O. Variabilidade genética estimada entre diplóides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 8, p. 1045-1052, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2008000800014>
- AZEVEDO, L. A. S.; JULIATTI, F. C.; BARRETO, M. Resistência de genótipos de soja à *Phakopsora pachyrhizi*. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, n. 3, p. 252-257, 2007.
- BONATO, E. R.; BERTAGNOLLI, P. F.; IGNACZAK, J. C.; TRAGNAGO, J. L.; RUBIN, S. de A. L. Desempenho de cultivares de soja em três épocas de semeadura, no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 6, p. 879-884, 1998.
- BROMFIELD, K. R.; HARTWIG, E. E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 20, p. 254-255, 1980.
- CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L.V. Introduction to plant disease epidemiology. **New York: John Wiley e Sons**, 1990. 655 p.
- COSTA NETO, P. R.; ROSSI, L. F. S. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação de óleo de soja usado em fritura. **Química Nova**, São Paulo, v. 23, n. 4, p. 531-537, 2000. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-40422000000400017>
- CRUZ, C. D. Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística. **Viçosa: UFV**, 2008, 278 p.
- CRUZ, D. C.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. **Viçosa: UFV**, 2011, 620 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. **3ed. Viçosa: UFV**, 2004. Cap. 3, p. 103-134.
- CRUZ, C. D; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genotípica em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, p. 422-430, 1991.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Portfólio de cultivares de soja da Embrapa**. Disponível em: [http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?op\\_page=393&cod\\_pai=215](http://www.cnpso.embrapa.br/index.php?op_page=393&cod_pai=215). Acesso em: 30 agosto de 2011.
- GARCIA, A.; CALVO, E. S.; KIIHL, R. A. de 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**, Berlin, v. 117, p. 545-553, 2008. <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-008-0798-z>

- GODOY, C. V.; KOGA, L. J.; CANTERI, M. G. Diagrammatic scale for assessment of soybean rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 1, p. 63-68, 2006. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-41582006000100011>
- HARTLEY, H. O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, Oxford, v. 37, p. 271-280, 1950. <http://dx.doi.org/10.2307/2332380> <http://dx.doi.org/10.1093/biomet/37.3-4.271>
- HARTWIG, E. E. Identification of a fourth major gene conferring resistance to soybean rust. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 1135-1136, 1986. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1986.0011183X002600060010x>
- HARTWIG, E. E.; BROMFIELD, K. R. Relationships among three genes conferring specific resistance to rust in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 237-239, 1983. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1983.0011183X002300020012x>
- HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, p. 295-306, 1986.
- HYTEN, D. L.; SMITH, J. R.; FREDERICK, R. D.; TUCKER, M. L.; SONG, Q.; CREGAN, P. B. Bulk segregant analysis using the goldengate assay to locate the *Rpp3* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 265-271, 2009. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2008.08.0511>
- HYTEN, D. L.; HARTMAN, G. L.; NELSON, R. L.; FREDERICK, R. D.; CONCIBIDO, V. C.; NARVEL, J. M.; CREGAN, P. B. Map location of the *Rpp1* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 837-840, 2007. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2006.07.0484>
- MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; NOGUEIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 27, n. 1, p. 59-69, 2011.
- MCLEAN, R. J.; BYTH, D. E. Inheritance of resistance to rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in soybeans. **Australian Journal of Agricultural Research**, Canberra, v. 31, p. 951-956, 1980. <http://dx.doi.org/10.1071/AR9800951>
- MENEZES, I. P. P.; HOFFMANN, L. V.; ALVES, M. F.; MORELLO, C. L.; BARROSO, P. A. V. Distância genética entre linhagens avançadas de germoplasma de algodão com uso de marcadores de RAPD e microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 10, p. 1339-1347, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2008001000012>
- 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, p. 387-391, 1997. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84781997000300004>
- QUEIROZ, E. F.; NEUMAIER, N.; TORRES, E.; PEREIRA, L. A. G.; BIANCHETTI, A.; TERAZAWA, F.; PALHANO, J. B.; YAMASHITA, J. Recomendações técnicas para a colheita mecânica. In: MIYASAKA, S., MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil, Campinas: ITAL**, 1981. p.701-710.
- OLIVEIRA, M. I. P.; PIOVESAN, N. D.; JOSÉ, I. C.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A.; OLIVEIRA, L. O. Correlação da concentração de isoflavonas com o conteúdo de proteína e óleo em soja. **Revista Sapientia**, Buenos Aires. Edição III, vol. III, n. 3, ano 2, 2011. Disponível em: <http://revistasapientia.inf.br/arquivos/2011/MARIA%20ISAURA.pdf>. Acesso em: 14 dezembro de 2011.
- POLIZEL, A. C.; DA SILVA, M. A. P.; HAMAWAKI, O. T.; SILVA, E. M. B.; MENEZES, P. C. Desenvolvimento de linhagens de soja de ciclo semiprecoce/médio para resistência à ferrugem-asiática em Rondonópolis/MT. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v. 7, n. 12, p. 1-10, 2011.
- PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE SOJA, **Universidade Federal de Uberlândia, UFU**. Disponível em: <http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>. Acesso em: 02 janeiro de 2011.

- RAY, J. D.; SMITH, J. R.; MOREL, W.; BOGADO, N.; WALKER, D. R. Genetic resistance to soybean rust in PI567099A is at or near the Rpp3 Locus. **Journal of Crop Improvement**, Manhattan, v. 25, p. 219–231, 2011. <http://dx.doi.org/10.1080/15427528.2011.555833>
- RAY, J. D., MOREL, W.; SMITH, J. R.; FREDERICK, R. D.; MILES, M. R. Genetics and mapping of adult plant rust resistance in soybean PI 587886 and PI 587880A. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 119, p. 271–280, 2009. <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-009-1036-z>
- REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO SUL, 30. Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina 2002/2003. Cruz Alta: **FUNDACEP/FECOTRIGO**, 2002. 140p.
- SANTOS, C. A. F.; OLIVEIRA, V. R.; RODRIGUES, M. A.; RIBEIRO, H. L. C. Caracterização molecular de cultivares de cebola com marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 1, p. 49-55, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2010000100007>
- SANTOS, L. R.; BARROS, H.B.; FERRAZ, E. de C.; CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 6, p. 755-764, 2011.
- SILVA, D. C. G.; YAMANAKA, N.; BROGIN, R. L.; ARIAS, C. A. A.; NEPOMUCENO, A. L.; MAURO, A.O.; PEREIRA, S. S.; NOGUEIRA, L. M.; PASSIANOTTO, A. L. L.; ABDELNOOR, R. V. Molecular mapping of two loci that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 117, p. 57-63, 2008. <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-008-0752-0>
- SINGH, Y. P.; KUMAR, A.; CHAUHAN, B. P. S. Genetic divergence in pearl millet. **The Indian Journal and Plant Breeding**, New Delhi, v. 44, p. 186-190, 1981.
- TROPICAL GENÉTICA E MELHORAMENTO (TMG). Boletim de pesquisa de soja 2011. **Editora Fundação MT**, Rondonópolis, 492 p., 2011.
- VAN ESBROECK, G.A.; BOWMAN D.T. Cotton germplasm diversity and its importance to cultivar development. **Journal of Cotton Science**, Baton Rouge, v. 2, p. 121-129, 1998.
- VIEIRA, L. S. N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R. B.; OLIVEIRA, M. A. R. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 11, p. 1460-1466, 2009. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009001100013>
- YOKOMIZO, G. K. **Interação genótipos x ambientes em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão**. 1999. 170 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz , Piracicaba, 1999.
- YORINORI, J.T.; PAIVA, W.M.; FREDERICK, R.D.; FERNANDEZ, P.F.T. Ferrugem da soja (*Phakopsora pachyrhizi*) no Brasil e no Paraguai, nas safras 2000/01 e 2001/02. Resumos, **II Congresso Brasileiro de Soja**, Foz do Iguaçu, 2002a. p. 94.
- ZAMBENEDETTI, E.B.; ALVES, E.; POZZA, E.A.; ARAÚJO, D.V.; GODOY, C.V. Avaliação de parâmetros monocíclicos e da intensidade da ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) em diferentes genótipos de soja e posições de copa. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, p. 178-181, 2007.