



BRENDA FRANÇUISES MARTINS DA SILVA

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA VISANDO À
RESISTÊNCIA AO NEMATÓIDE DE CISTO**

**LAVRAS-MG
2021**

BRENDA FRANÇUISES MARTINS DA SILVA

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA VISANDO À RESISTÊNCIA AO
NEMATOIDE DE CISTO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

Prof. Dr. Carlos Eduardo Pulcinelli
Coorientador

Dr. Irineu Hartwig
Coorientador

**LAVRAS-MG
2021**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Silva, Brenda Françuises Martins da.

Seleção de progênies de soja visando à resistência ao
nematóide de cisto. / Brenda Françuises Martins da Silva. - 2021.
44 p. : il.

Orientador(a): Adriano Teodorp Bruzi.

Coorientador(a): Carlos Eduardo Pulcinelli, Irineu Hartwig.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. Glycine max (L) Merrill. 2. Melhoramento genético. 3.
Heterodera glycines. I. Bruzi, Adriano Teodorp. II. Pulcinelli,
Carlos Eduardo. III. Hartwig, Irineu. IV. Título.

BRENDA FRANÇUISES MARTINS DA SILVA

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA VISANDO À RESISTÊNCIA AO
NEMATOIDE DE CISTO**

**SOYBEAN PROGENIES SELECTION TO CYST NEMATODE
RESISTANCE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADO em 13 de agosto de 2021

Dr. Irineu Hartwig, SEEDCORP|HO
Dr. José Maria Villela Pádua, UFLA
Dr. Adriano Teodoro Bruzi, UFLA

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

Prof. Dr. Carlos Eduardo Pulcinelli
Coorientador

Dr. Irineu Hartwig
Coorientador

**LAVRAS-MG
2021**

À minha família por ser minha estrutura.

A minha mãe Eleuza pela dedicação e carinho sempre e por ser meu maior exemplo de vida.

Ao meu tio Edilson pelo apoio, motivação e pelo exemplo de amor de pai para mim.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus por me conceder o dom da vida e ser o meu guia, iluminando sempre meu caminho e me dando forças para seguir em frente mesmo nos momentos de dificuldade.

Agradeço de forma especial a minha mãe, Eleuza da Silva e ao meu tio Edilson da Silva Rosmaninho (minha figura de pai) pelo amor incondicional, exemplo, apoio, conselhos, cuidados e orações. Aos meus irmãos Wiliane, Jéssica e Mateus que sempre me apoiaram e estiveram do meu lado ao longo dessa caminhada, enfim a toda minha família, avós e sobrinhos que de alguma forma contribuíram sempre em minha vida.

À Universidade Federal de Lavras, especialmente ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. A todos os funcionários da Universidade Federal de Lavras em especial aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela dedicação e todo ensinamento transmitido, em especial ao meu orientador, prof. Adriano Bruzi e coorientador, prof. Carlos Pulcinelli.

À CAPES e ao CNPq, o presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

À SEEDCORP HO, pela confiança e investimento em meu desenvolvimento acadêmico, em especial ao meu gestor e coorientador Irineu Hartwig.

Às demais agências de fomento pelo financiamento concedido à realização deste projeto.

À todos os colegas de percurso que compartilharam das preocupações ao decorrer do curso, aos meus amigos do trabalho que me auxiliaram de alguma forma nessa trajetória e ao Doutorando Ewerton Resende que me ajudou com o projeto.

Enfim, agradeço a todos que de forma direta ou indireta somaram comigo para o desenvolvimento do mestrado e realização deste trabalho.

O MEU SINCERO MUITO OBRIGADA!

RESUMO

Considerada uma das espécies cultivadas mais importantes no cenário mundial econômico, a soja é uma leguminosa que contribuiu muito para a revolução socioeconômica e tecnológica das lavouras brasileiras. O melhoramento genético de soja está cada vez mais apoiado em estudos que visam a resistência a doenças, e no Brasil cerca de 35 patógenos afetam a soja, sendo o nematoide de cisto da soja (*Heterodera glycines*) um dos que mais limitam a produção dessa cultura. A busca por alelos de resistência tem sido foco em programas de melhoramento genético, em virtude da utilização de cultivares resistentes ao nematoide de cisto da soja ainda ser a forma mais eficiente no seu controle. Nesse contexto, objetiva-se selecionar progênies de soja, que apresentem resistência ao nematoide de cisto da soja avaliadas pelo uso de marcadores moleculares associados a fontes de resistência PI 88788 e Peking. Os experimentos foram conduzidos durante dois períodos distintos: safra de inverno de 2019 no município de Formoso do Araguaia – TO; e na safra 2019/2020 nos municípios de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste, ambos localizados em Mato Grosso. Foram utilizadas 8 populações biparentais obtidas através de hibridação. No inverno 2019 as parcelas foram constituídas de uma linha de 3,0 m espaçadas em 0,5 m. Na safra 2019/2020 o delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 5,0 metros de comprimento e espaçamento de 0,50 metros entre linhas. Foram avaliados os seguintes caracteres agrônômicos: resistência ao nematoide de cisto determinado por meio de marcadores moleculares associados aos alelos de resistência Rhg1 e Rhg4 e produtividade de grãos, determinada a partir da conversão da produtividade da parcela em Sacas.ha⁻¹, após padronização da umidade em 13%. Após coleta e tabulação dos dados foram efetuadas as análises estatísticas e seleção das melhores progênies com o auxílio do software R. Constatou-se que das 96 progênies analisadas por marcadores moleculares, 14 foram selecionadas com resistência ao nematoide de cisto da soja, das quais as mais promissoras quanto a produtividade de grãos foram as progênies 17BC60328_7 e 17BC560328_5, pois apresentaram as maiores médias com relação aos três ambientes testados, além de possuir o gene Rhg1 associado a fonte de resistência PI 88788 que confere tolerância a raça 3 e moderada tolerância às raças 6, 9, 10 e 14 do nematoide de cisto da soja.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Melhoramento genético; *Heterodera glycines*.

ABSTRACT

Soybean is an oilseed considered one of the most important species in the economic world environment and has greatly contributed to the Brazilian crops' economic and technological revolution. Soybean breeding has increasingly focus on studies to diseases resistant, and in Brazil

about 35 pathogens affect soybean crop, and soybean cyst nematodes (*Heterodera glycines*) is one of the most yield limiting to this crop. The increase of resistance alleles has been the focus of soybean breeding programs since the use of resistant cultivars to the soybean cyst nematode is still one of the most efficient method of control. In this context, the goal of this study was to select resistant soybean progenies to the soybean cyst nematode with the use of molecular markers associated to sources PI 88788 and Peking resistance. The experiments were carried out in two distinct periods: 2019 winter season, at Formoso do Araguaia city, Tocantins State; and in 2019/2020 summer season at Jaciara, Rondonópolis and Santo Antônio do Leste cities, all located in Mato Grosso State. Eight biparental populations obtained by crossings were used. In 2019 winter season, the plot consisted of one line with 3.0 meters length, spaced 0.5 meters apart. In 2019/2020 summer season, the experimental design used was randomized blocks with two replications. Any plot consisted of two lines with 5.0 meters length and 0.5 meters rows spaced. Assessment of the following agronomic traits was done: resistance to cyst nematode determined by molecular markers associated to resistance alleles Rhg1 and Rhg4 and grain yield, determined by the conversion of plot yield weight to bags.ha⁻¹, at 13% standardized moisture. Data analysis was performed through R Statistical software analysis program and selection of the best progenies was done. From 96 progenies analyzed by molecular markers, 14 were selected with resistance to Soybean cyst nematode resistant, and two of them, 17BC560328_7 and 17BC560328_5, the most promising in terms of yield grain, yielding the highest averages in the three tested environments, in addition, both carrying the Rhg1 gene associated with the resistance source PI88788, which carry tolerance to race 3, and moderate tolerance to races 6, 9, 10 and 14 of the soybean cyst nematode.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill; Breeding; *Heterodera glycines*

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 - Distribuição das raças de <i>H. glycines</i> nas 5 macrorregiões sojícolas do Brasil.....	19
FIGURA 2 - Produtividade média (Sacas.ha ⁻¹) das 14 progênes de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nos municípios de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.....	31

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 - Esquema utilizado para identificação de raças de <i>Heterodera glycines</i> proposto por Riggs e Schmitt (1988).....	18
TABELA 2 - Populações obtidas através de hibridação e identificação do parental resistente as raças do NCS.....	23
TABELA 3 - Relação de Gene/Combinação e a resistência esperada.....	24
TABELA 4 - Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (Sacas.ha ⁻¹) envolvendo 14 progênes de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nas cidades de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.....	29
TABELA 5 - Médias conjuntas para o caracter produtividade de grãos (Sacas.ha ⁻¹) envolvendo 14 progênes de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nas cidades de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.....	30

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.2	Aspectos Gerais da soja	13
2.3	Seleção de progênies em plantas autógamas	14
2.4	Nematoide do cisto da soja (<i>Heterodera glycines</i>)	16
2.5	Resistência Genética	20
2.6	Marcadores Moleculares	21
3	MATERIAL E MÉTODOS	22
3.2	Detalhamento experimental	22
3.3	Análise dos dados	26
4	RESULTADO E DISCUSSÃO	28
4.1	Análise Molecular Safra de Inverno 2019	28
4.2	Análise Estatística Safra 2019/20	28
	REFERÊNCIAS	33
	APÊNDICE	36
	PRODUTO TÉCNICO ATRELADO	40

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a soja é considerada como uma das principais culturas do agronegócio. É utilizada na elaboração de diversos produtos, desde óleo até papel. Essa leguminosa tem expandido cada vez mais as fronteiras agrícolas devido ao aumento significativo da sua produtividade, além de estar em constante desenvolvimento tecnológico (OLIVEIRA et al., 2005).

Em consequência da expansão de áreas plantadas e exposição a diversos ambientes, ocorreu aumento significativo na incidência e gravidade das doenças que acometem esta cultura. Estima-se que as lavouras de soja perdem anualmente cerca de 15 a 20% em produção devido às doenças. As injúrias ocasionadas pelo nematoide de cisto da soja (NCS) são consideradas uma das mais graves gerando sérios danos à lavoura (BIZARI, 2014).

Para contornar essas adversidades, a utilização do melhoramento genético é um instrumento de suma importância para o desenvolvimento de novas cultivares de soja que apresentem alto desempenho associados a ganhos genéticos, além de outros fatores que impedem a queda de produtividade como por exemplo resistência ou tolerância a doenças, fator considerado como a alternativa mais eficiente economicamente no combate das doenças, além de reduzir impactos ambientais causados pela utilização de insumos agrícolas (ARANTES; KIIHL; ALMEIDA, 1999).

A seleção de progênies de soja que apresentem resistência ao nematoide de cisto tem se tornado rotineira nos programas de melhoramento genético, visando atender sempre a necessidade dos produtores rurais que sofrem com essa doença em suas áreas, sendo que nos últimos anos inúmeras cultivares de soja tem sido lançadas, apresentando resistência ao NCS. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo selecionar progênies de soja que agreguem elevado potencial produtivo associado a resistência ao nematoide de cisto da soja.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.2 Aspectos Gerais da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é originária do nordeste da china, provavelmente na região da Manchúria, onde consta indícios de sua domesticação há mais de cinco mil anos, sendo posteriormente disseminada para os Estados Unidos, Europa e América do Sul (ARANTES; SOUZA, 1993). Segundo Sedyama, Silva e Borém (2015) a referência mais antiga da soja no Brasil foi uma experiência realizada na Bahia, em 1882, por Gustavo D' Utra. Devido à baixa adaptabilidade da cultura a latitude do estado, foram realizadas novas observações em São Paulo e no Rio Grande do Sul, apresentando uma melhor adaptação, uma vez que as condições climáticas são mais semelhantes às das regiões tradicionais de cultivo.

Apenas por volta de 1935 iniciou-se a produção de soja em escala comercial, precisamente no Rio Grande do Sul, em 1941 esse estado já constava com uma área de produção de cerca de 702 hectares, e por volta de nove anos depois essa leguminosa foi introduzida no sudeste, nordeste e norte do Brasil. Já na década de 70 as lavouras de soja se encontravam apenas limitadas à região Centro-Sul e a produção já passava de 12 milhões de toneladas em uma área de aproximadamente sete milhões de hectares (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Considerada uma das espécies mais importantes no cenário mundial econômico, a soja é uma leguminosa que contribuiu muito para a revolução socioeconômica e tecnológica das lavouras brasileiras, sendo seu grão rico em proteína, em torno de 40%, e óleo 20%. No Brasil o teor médio das cultivares chega a 38% de proteína e 19% de óleo (SEDIYAMA, 2009).

Devido ao custo relativamente baixo de produção e a qualidade da proteína, a soja se tornou uma importante fonte proteica que exerce a função, principalmente em países em desenvolvimento, de complementação da dieta, tornando-se a principal fonte de farelo proteico do mundo, sendo produzidos mais de 188 milhões de toneladas, que representa 67% do total ofertado (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Nos últimos anos a exploração e expansão do potencial produtivo da soja no Cerrado vem sendo bem conduzidas, devido principalmente às condições favoráveis que tem sido disponibilizada, como correção da fertilidade do solo além de melhorias no manejo da cultura,

atingindo nas últimas safras o Brasil ótimos resultados de produtividade (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Atualmente o Brasil é considerado o maior produtor de soja mundial, ultrapassando os Estados Unidos, segundo o acompanhamento da safra brasileira de grãos 2020/21, divulgado no mês de maio pela Companhia Nacional de Abastecimento, as colheitas alcançaram cerca de 135,409 milhões de toneladas, gerando um acréscimo de 8,5% comparado ao ano safra anterior. A área plantada no Brasil teve um aumento, foram plantados aproximadamente 38,5 milhões de hectares (CONAB, 2021).

Em virtude do aumento da demanda de soja gerado nas últimas décadas, passou a existir uma pressão no segmento agrícola a fim de atender essa demanda, seja por meio da expansão de áreas de cultivo ou pelo aumento na produção. A expansão das áreas de cultivo tem sido evitada devido a restrições legais e sociais, e com isso, fica claro a necessidade de explorar o aumento da produtividade, a qual pode ser atingida por condições melhores de cultivo ou pelo melhoramento genético de plantas (TESSELE, 2017).

O melhoramento genético de soja tem sido fortemente incentivado a produzir cultivares voltadas à inúmeras utilizações, como óleo, farelo, farinha, proteína texturizada, lecitina, extrato solúvel, além de inúmeros produtos de ótima qualidade e valor nutricional (BORÉM, 2009). Vasconcelos et al. (2015) citaram que o aumento da produtividade tem sido o principal objetivo dos programas de melhoramento.

Visto que a demanda por fontes bioenergéticas e alimentos é crescente torna-se necessário o aumento da produtividade desse grão. Na cultura da soja os métodos convencionais de melhoramento de plantas têm sido associados a estratégias e ferramentas de biotecnologia visando solucionar problemas de manejo na lavoura, a fim de aumentar a produtividade bem como melhorar a expressão de outros caracteres de interesse.

2.3 Seleção de progênies em plantas autógamas

O melhoramento genético de plantas é uma arte e ciência que visa identificar e selecionar genótipos superiores, buscando obter a planta ideal que apresente vários caracteres economicamente importantes (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

O Brasil contribuiu muito para o melhoramento de plantas. A interação genótipo x ambiente gerou a necessidade de desenvolver cultivares que atendesse o clima tropical, uma

vez que não existia nenhum programa que supria essa necessidade, pois o cultivo da soja no mundo era restrito apenas para regiões de clima temperado ou no máximo subtropical, mas por meio do avanço genético incorporado a soja tropical foi possível estender o seu cultivo para várias regiões do Brasil (RAMALHO et al., 2012).

Uma das etapas iniciais dentro do programa de melhoramento para seleção numa população seria descrever a variabilidade genética e identificar as correlações entre os caracteres de interesse (CORREA et al., 2012).

Os melhoristas agrupam as espécies as quais trabalham em função da estrutura genética de suas populações, sendo que plantas alógamas apresentam frequência de polinização cruzada superior a 95%. Plantas autógamias possuem uma frequência de polinização cruzada inferior a 5%. Existem também as que são intermediárias, as quais, a porcentagem de polinização cruzada fica entre 5% e 95% (RAMALHO et al., 2012).

Em sua maioria os programas de melhoramento genético de plantas abrangem três etapas: escolha de genitores e hibridações; seleção de indivíduos superiores e avanço de gerações; testes e avaliações em ambientes distintos. A segunda etapa correspondente a seleção e avanço de gerações demanda muito tempo, além de recursos humanos e financeiros (ZORZETTO et al., 2008).

A seleção é um processo em que indivíduos com caracteres superiores, são favorecidos para reprodução, dentro de uma população que apresenta variabilidade. A seleção, para o melhorista, tem como foco o acúmulo de alelos favoráveis a características de interesse em uma determinada população (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

No direcionamento do melhoramento de espécies autógamias a seleção irá depender do controle genético do caráter em que se tem interesse, levando em consideração o comportamento do indivíduo ou o desempenho da progênie. Quando se pretende selecionar para caracteres quantitativos que apresentem baixa herdabilidade é necessário avaliar as progênies, pois permite deduzir sobre o valor genotípico dos indivíduos em relação ao desempenho de seus descendentes (BERNARDO, 2010).

O sucesso do melhoramento genético de plantas autógamias é garantido pela existência de uma avaliação rigorosa das progênies em ensaios bem delineados, sendo que em sua maioria as avaliações são feitas em experimentos com repetições em um ou mais locais, com a finalidade de minimizar a influência de efeitos ambientais sobre a expressão fenotípica, e, assim, melhorar a eficiência na predição do valor genético aditivo (VGA) associado aos genótipos (MARQUES, 2017).

2.4 Nematóide do cisto da soja (*Heterodera glycines*)

Os nematóides formam um filo de animais que apresentam forma cilíndrica e alongada, todos são díioicos, ou seja, existe distinção entre fêmea e macho (BRITO, 2005).

O nematóide de cisto é um dos principais fitonematóides da soja, sendo de fácil disseminação podendo gerar prejuízos alarmantes. Dhingra, Mendonça e Macedo (2009) descreveram que por volta de 1915 foi feita a primeira observação desse nematóide no Japão. Nos anos de 1954 houve os primeiros relatos nos Estados Unidos e em 1983 na Colômbia (GOLDEN; MEDINA, 1983).

O primeiro relato desse patógeno no Brasil ocorreu na safra 1991/1992 nos estados de Mato Grosso, Goiás, Minas Gerais e Mato Grosso do Sul (MENDES; DICKSON, 1993). Para Embrapa (2010) esse patógeno está presente atualmente em quase todo território brasileiro, sendo os principais estados: Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, São Paulo, Paraná, Rio Grande do Sul, Bahia, Tocantins e Maranhão, sendo uma área estimada superior a 2 milhões de hectares.

Quando presente em grande quantidade, o *H. glycines* pode gerar quedas alarmantes de produtividade de grãos, podendo atingir 90 a 100% de perdas, porém esses danos podem variar em função do grau de infestação, fertilidade e manejo do solo, raça do nematóide e a suscetibilidade da variedade (DHINGRA; MENDONÇA; MACEDO, 2009).

O *H. glycines* gerou em 1998 uma perda de aproximadamente 8,9 milhões de toneladas nos dez maiores países que produzem a soja (WRATHER et al., 2001). Wrather e Koenning (2006) relataram que os Estados Unidos tiveram quedas de produtividade devido a esse patógeno, sendo que em 2003 foram cerca de 2,9 milhões de toneladas de grãos, em 2004 a estimativa foi de 3,47 milhões de toneladas de grãos e em 2005 as perdas chegaram a 1,93 milhões de toneladas de grãos.

O *Heterodera glycines* é um endoparasita sedentário que se reproduzem por fecundação cruzada, causando nas plantas hospedeiras uma doença denominada de nanismo amarelo da soja, devido aos sintomas, pois essa interação patógeno e planta reduz o sistema radicular da soja, tornando-a menos eficiente em absorção de água e nutrientes, além da formação de *Bradyrhizobium japonicum* ser prejudicada. Os sintomas ocorrem em reboleiras e as plantas apresentam clorose foliar e o desenvolvimento fica comprometido, conseqüentemente ocorre a perda na produção e até mesmo a morte prematura de plantas (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Apesar de ser possível identificar após 35 dias da semeadura da soja fêmeas de cor branca ou amarelada do nematoide de cisto da soja (NCS) presas às raízes das plantas, é necessário que se realize uma amostragem de solo e/ou raízes para um correto diagnóstico em laboratório. As fêmeas do NCS alojam os ovos produzidos após a fertilização no interior do seu corpo, o qual adquire uma coloração amarronzada sendo essa estrutura denominada de cisto, após sua morte se desprende das raízes e ficando viável por até 8 anos no solo sem que haja a presença de planta hospedeira (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Já foram registradas 11 raças de *H. glycines* no Brasil, sendo elas: raças 1, 2, 3, 4, 4⁺, 5, 6, 9, 10, 14 e 14⁺, o termo raça é usado para diferenciar os isolados do patógeno, de acordo com a habilidade que tem para se reproduzir em relação a uma série de linhagens de soja diferentes. O termo raça é baseado no fenótipo predominante em relação a um determinado tempo e população (DIAS et al., 2005).

Riggs e Schmitt (1988) propuseram um esquema para caracterização de raças envolvendo 16 raças de *H. glycines* levando em consideração quatro linhagens hospedeiras (Pickett 71, Peking, PI 88788, PI90763) e um padrão de suscetibilidade Lee e um índice de fêmeas (IF). A cultivar Hartwig foi adotada para identificar novas populações de resistência, pois quando houver a quebra de resistência dessa cultivar, o número da raça deve vir com um sinal positivo (+), como ocorre nas raças 4⁺ e 14⁺ que conseguem parasitar na Hartwig (JULIATTI, 2015).

O Índice de Parasitismo (IP) mede o grau de parasitismo a que os hospedeiros são submetidos comparado com o padrão de suscetibilidade Lee, classificando assim o hospedeiro em resistente e suscetível a determinada raça, sendo que é suscetível quando esse índice é igual ou superior a 10 e quando menor é resistente, como demonstrado na Tabela 1. (SANTANA, 2008).

Tabela 1 – Esquema utilizado para identificação de raças de *Heterodera glycines* proposto por Riggs e Schmitt (1988).

Raças	Pickett 71	Peking	PI 88788	PI90763	Lee
1	-	-	+	-	+
2	+	+	+	-	+
3	-	-	-	-	+
4	+	+	+	+	+
5	+	-	+	-	+
6	+	-	-	-	+
7	-	-	+	+	+
8	-	-	-	+	+
9	+	+	-	-	+
10	+	-	-	+	+
11	-	+	+	-	+
12	-	+	-	+	+
13	-	+	-	-	+
14	+	+	-	+	+
15	+	-	+	-	+
16	-	+	+	+	+

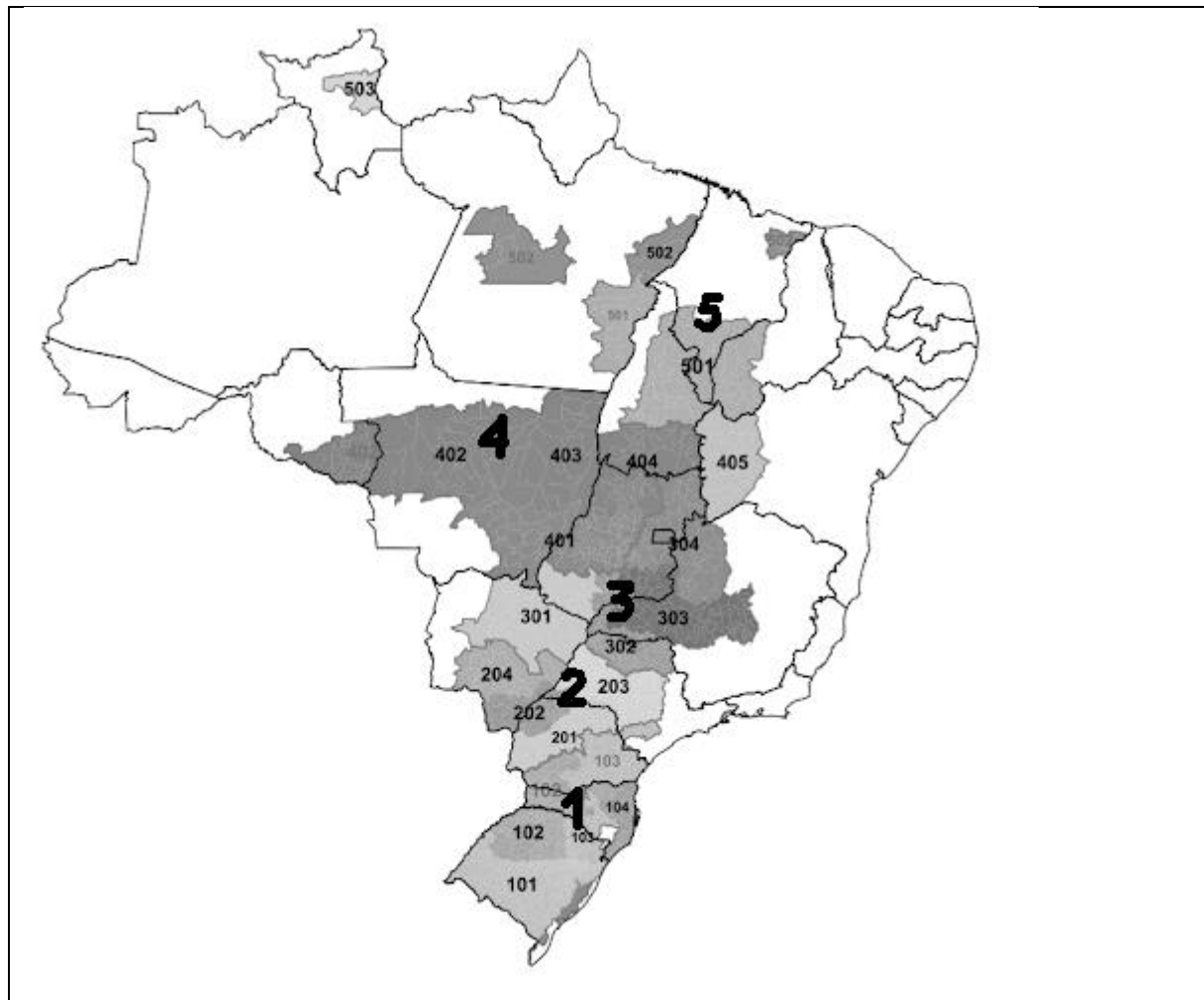
- = número de fêmeas e cistos <10% em relação ao padrão suscetível Lee.

+ = número de fêmeas e cistos \geq 10% em relação ao padrão suscetível Lee.

Fonte: Santana (2011).

Segundo Dias et al. (2005), as raças dos *H. glycines* estão espalhadas pelo Brasil da seguinte forma: Bahia (raça 3), Goiás (raças 3, 4, 5, 6, 9, 10 e 14), Maranhão (raça 9), Mato Grosso (raças 1, 2, 3, 4, 4⁺, 5, 6, 9, 10, 14, 14⁺), Mato Grosso do Sul (raças 3, 4, 5, 6, 9, 10 e 14), Minas Gerais (raças 3 e 6), Paraná (raça 3), Rio Grande do Sul (raças 3 e 6), São Paulo (raça 3) e Tocantins (raça 1). A Figura 1 apresenta um resumo da distribuição das raças pelo Brasil de acordo com as 5 macrorregiões sojícolas.

Figura 1 – Distribuição das raças de *H. glycines* nas 5 macrorregiões sojícolas do Brasil.



Macrorregiões

Raças

1	3, 5, 6
2	3
3	1, 3, 4, 5, 6, 9, 10 e 14
4	1, 2, 3, 4, 4 ⁺ , 5, 6, 9, 10, 14 e 14 ⁺
5	4, 5, 6 e 9

Fonte: Embrapa (2010).

O nematoide de cisto da soja se alastra para diversos ambientes com grande facilidade devido principalmente pelo transporte de solo infestado, sendo através de equipamentos

agrícolas, sementes mal beneficiadas que apresentem partículas de solo, pela água, vento, e até mesmo por animais como pássaros que ao coletar alimentos do solo podem ingerir junto os cistos (JULIATTI, 2015).

Medidas protetivas devem ser tomadas para evitar a entrada desse tipo de fitonematóide na área, como realizar a limpeza de máquinas e demais implementos, utilizar sementes que estejam livres desse patógeno, além da combinação de rotação de cultura com espécies não hospedeiras e a utilização de cultivares resistentes (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

2.5 Resistência Genética

A resistência genética é a forma em que a planta apresenta atributos necessários para inviabilizar um parasita, desde sua penetração, desenvolvimento, infecção dos tecidos e até mesmo impedindo que ele se reproduza. A resistência genética é o melhor método para se evitar perdas econômicas pelo Nematóide de Cisto da Soja (NCS) (ROBERTS, 2002).

O cultivo sucessivo de uma mesma cultivar que apresenta resistência ao nematóide de cisto pode provocar a seleção desse patógeno, devido a sua grande variabilidade genética, podendo ocorrer a geração de novas raças (EMBRAPA, 2006).

Apesar de todos os estudos realizados para identificação de fontes de resistência ao *H. glycines* não houve um esclarecimento da base genética de resistência, devido em parte ao alto nível de variabilidade desse fitonematóide e por outro lado ao método que se utiliza para classificar as plantas como resistentes ou suscetíveis (ARANTES; KIIHL; ALMEIDA, 1999).

Três genes em homozigose recessiva (rhg1rhg1, rhg2rhg2 e rhg3rhg3) são responsáveis pela resistência ao nematóide de cisto da soja (DIAS et al., 1998). O gene rhg4/rhg4 foi identificado por Matson e Williams (1965) próximo ao gene *I/i*, porém o número de genes de resistência varia para diferentes fontes. Os locos rhg1 e rhg4 em complementaridade são responsáveis por quase a totalidade da variabilidade para resistência à raça 3 e 1 e grande parte para variabilidade de outras raças. Os genes rhg2 e rhg5 atualmente são indispensáveis, pois, novas resistências genéticas têm sido necessárias para combater o surgimento e proliferação de novas raças de nematoides de cisto da soja. (SANTANA, 2008).

Atualmente existem várias cultivares que apresentam resistência ao NCS, sendo em sua maioria resistentes à raça 3 que é a mais predominante no território brasileiro. O mercado

tem cada vez mais interesse por cultivares que apresentem essa característica além de precocidade no ciclo.

2.6 Marcadores Moleculares

Os marcadores moleculares têm como função identificar alelos em que a expressão seja de difícil identificação, dessa forma o marcador permite selecionar o alelo de forma indireta. Os marcadores genéticos podem ser morfológicos ou moleculares, o primeiro é determinado normalmente por um único alelo e apresenta herdabilidade próxima a 1, porém ocorre em número reduzido não sendo suficiente para marcar alelos de interesse de vários genes da espécie, pois genes responsáveis por caráter de alta herdabilidade muitas vezes não estão ligados à aqueles que devem ser marcados Os marcadores moleculares são a base de proteína ou aqueles que utilizam o próprio DNA (RAMALHO et al., 2012).

Os marcadores de DNA possuem uma grande variabilidade, tendo sido utilizado em sua maioria como marcadores de alelos de interesse, apresentando uma gama ampla de procedimentos alternativos, sendo um dos mais comumente utilizados é PCR (Polymerase Chain Reaction) que significa reação de polimerase em cadeia, onde ocorre inúmeras vezes a replicação de certos segmentos específicos do DNA possibilitando sua detecção e análise (RAMALHO et al., 2012).

Os marcadores SNP (Single Nucleotide Polymorphism) são baseados em uma pequena variação genética de um único nucleotídeo e atualmente vem sendo usado em plantas a fim de identificar polimorfismo, sendo útil na identificação de resistência de várias doenças como as causadas pelo *Xanthomonas albilineans* em cana de açúcar (RAMALHO et al., 2012).

A frequência de se ocorrer SNPs no genoma da soja tem sido estudada por diversas linhas de pesquisas, com o intuito de desenvolver marcadores polimórficos que sirvam para o mapeamento genético de alta resolução (RAFALKI, 2002).

O teste de genotipagem mais comumente utilizado para identificar resistência de plantas ao nematoide de cisto é denominado KASP e utiliza uma forma única de PCR específico para alelos competitivos, fornecendo níveis extremamente altos de precisão, permite a pontuação bi-alelica altamente precisa de SNPs e InDels (inserções e deleções) em locais específicos em uma ampla gama de amostras de DNA genômico (LGC GENOMICS, 2012).

Apesar da descoberta relativamente recente do NCS na safra 1991/92, ele já se tornou um dos parasitas mais temidos da soja, e com isso os programas de melhoramento genético no Brasil não vem medindo esforços a fim de realizar transferência de alelos de resistência ao nematoide de cisto. O uso de marcadores moleculares veio como uma ferramenta de auxílio na seleção desses alelos (ABDELNOOR; ALMEIDA, 1999).

Para Lopes (2007), o uso de marcadores moleculares resulta na eficiência em ganhos genéticos, uma vez que permite a seleção e identificação de indivíduos por meio do seu genótipo. Em relação ao método tradicional, a seleção assistida por marcadores permite que um maior número de progênies seja analisadas em poucos dias, além de permitir que plantas sem resistência sejam eliminadas no início do programa, poupando tempo e serviço, já no método tradicional essa resposta só é recebida após cerca de 40 dias depois da inoculação (ABDELNOOR; ALMEIDA, 1999).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados no presente trabalho foram gentilmente fornecidos pela empresa SEEDCORP HO, obtidos a partir da análise de marcadores moleculares e experimentos de avaliação de progênies/linhagens, do programa de melhoramento genético de soja localizado em Primavera do Leste - MT

3.2 Detalhamento experimental

Os experimentos de seleção de progênies foram conduzidos durante o inverno de 2019 no município de Formoso do Araguaia – TO e durante a safra de verão do ano agrícola 2019/20 nos municípios de Santo Antônio do Leste, Rondonópolis e Jaciara todos localizados no estado de Mato Grosso.

Abaixo estão apresentados os dados geodésicos das localidades:

- a) Fazenda Produtiva Sementes, localizada no município de Formoso do Araguaia – TO, a uma altitude de 240 m, latitude sul 11°54'12.60" e longitude oeste de 49°40'54.12".

- b) Fazenda Petrazzini III, localizada no município de Santo Antônio do Leste – MT, situada a uma latitude sul de 14°49'55.01" e longitude oeste de 53°35'39.13" e altitude de 646 m.
- c) Fazenda Futurista, localizada no município de Rondonópolis – MT, a uma altitude de 410 m, latitude sul 16°58'05.93" e longitude oeste de 54°32'14.37".
- d) Fazenda Água Grande, localizada no município de Jaciara – MT, situada a uma latitude sul de 15°55'44.83" e longitude oeste de 55°57'55.12" e altitude de 384 m.

Os genótipos avaliados neste trabalho foram obtidos a partir de oito populações biparentais conforme os cruzamentos descritos na (TABELA 2). Os cruzamentos foram realizados em casas de vegetação na safra 2015/2016, de acordo com procedimentos descritos por Borém et al. (2009).

Tabela 2 – Populações obtidas através de hibridação e identificação do parental resistente as raças do NCS.

Projeto	Cruzamentos	Pop	Resistência	Raças
17BC559101	BMXPONTAIPRO x AS3730IPRO	1	BMXPONTAIPRO	3 e 14
17BC561029	DM8573RSFIPRO x M7739IPRO	2	M7739IPRO	1, 3 e 10
17BC563575	M8372IPRO x 5714IPRO	3	M8372IPRO	1, 3, 6 e 10
17BC561879	M8372IPRO x DM5958RSFIPRO	4	M8372IPRO	1, 3, 6 e 10
17BC559189	NS4319IPRO x AS3810IPRO	5	-	-
17BC559243	NS5019IPRO x M6972IPRO	6	M6972IPRO	1, 3 e 6
17BC559436	NS7209IPRO x AS3730IPRO	7	-	-
17BC560328	7x1 IPRO x BMXBONUSIPRO	8	-	-

Fonte: da autora (2021)

As sementes F₁ foram multiplicadas na safra de inverno 2016 em casa de vegetação. Posteriormente, na safra 2016/2017 as sementes da população F₂ foram semeadas em 4 linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 metros entre linhas e densidade de 15 sementes por metro linear. Na maturação fisiológica foram colhidas plantas individuais, por

população para obtenção de progênies F_{2:3}. As plantas foram trilhadas individualmente utilizando trilhadora individual de plantas.

As progênies F_{2:3}, foram semeadas na safra 2017/2018 em parcelas de 1 linha de 3 metros sem delineamento experimental, sendo que ao final do ciclo, após a colheita e trilha das linhas, foram obtidas as progênies F_{2:4}. Na safra 2018/2019 as progênies F_{2:4} foram semeadas em 2 linhas de 5 metros, sendo que após a maturação fisiológica foram coletadas 12 plantas, trilhadas individualmente obtendo-se as progênies F_{4:5}.

No inverno 2019, os genótipos de soja foram semeados em parcelas de uma linha de 3,0 metros em delineamento experimental de blocos aumentados. Os tratamentos foram constituídos por 96 progênies F_{4:5} e nove cultivares como testemunhas. Foram coletadas amostras foliares, de todas as progênies avaliadas no ensaio a fim de detectar linhas segregantes e progênies que apresentem resistência a nematoide de cisto, determinado por meio de marcadores moleculares associados aos alelos rhg1 e rhg4, através do teste de genotipagem KASP (TABELA 3).

Tabela 3 – Relação de Gene/Combinação e a resistência esperada.

Gene/Combinação	Resistência fenotípica esperada
Rhg1_PK	Sozinho não proporciona tolerância suficiente
Rhg4_PK	Sozinho não proporciona tolerância suficiente
Rhg1_PK + Rhg4_PK	Tolerância completa a R1, R3.
Rhg1_88	Tolerância a R3, MR/S R6, R9 R10 e R14

Fonte: da autora (2021).

As amostras foliares de cada linha foram colocadas em placas de PCR de 96 poços, sendo que cada linha corresponde a um poço na placa, em seguida foram refrigeradas e encaminhadas ao laboratório de biologia molecular, o qual, procedeu com o teste de KASP. Após a entrega dos resultados pelo laboratório, foram avaliados individualmente cada projeto para seleção das linhas com resistência ao NCS. Posterior a análise, apenas as 14 linhas foram selecionadas, as quais foram trilhadas e obtida as progênies F_{4:6}.

As Progênes F_{4:6} foram semeadas em 3 ambientes na safra 2019/2020 o delineamento experimental foi o de blocos casualizados com duas repetições. Os tratamentos foram constituídos por 14 linhagens e 3 testemunhas (HO MAMORÉ IPRO; M8372IPRO; BMX CERTA IPRO), sendo que as parcelas apresentavam duas linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,50 metros. As semeaduras foram realizadas em época apropriada para a região, utilizando semeadora experimental de parcelas. Os tratos culturais durante toda a condução dos experimentos foram seguidos conforme apresentado por Carvalho et al (2010), a fim de assegurar a padronização e a qualidade experimental, para que ocorra a expressão do potencial produtivo das progênes avaliadas.

A colheita das parcelas em campo foi realizada no estádio R8, segundo a escala de Fehr e Caviness (1977), através de uma colhedora experimental. Em seguida ajustou-se o teor de umidade para 13%.

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- Resistência ao *Heterodera glycines*: foi determinado por meio de marcadores moleculares associados aos alelos rhg1 e rhg4 através do teste de genotipagem KASP.
- Produtividade: determinada a partir da colheita das parcelas obtida em Sacas.ha⁻¹ a partir da conversão da área de cada parcela, padronizando a umidade de grãos para 13%. Foram utilizadas as seguintes expressões para a padronização de umidade e obtenção da produtividade em (Sacas.ha⁻¹):

$$P_{C13\%} = P \times ((100 - U_p\%) \div (100 - U\%))$$

Em que:

$P_{C13\%}$ = Peso da parcela padronizado a 13%;

P = Peso da parcela;

$U_p\%$ = Umidade aferida na parcela;

$U\%$ = Umidade padrão para armazenamento (13%).

$$Prod (Kg. ha^{-1}) = P_{C13\%} \times ha \div AP$$

Em que:

$Prod (Kg. ha^{-1})$ = Produtividade de grãos da parcela em quilogramas por hectare (Kg.ha⁻¹);

$P_{C13\%}$ = Peso da parcela corrigido para 13% de umidade;

ha = Área correspondente a um hectare (10000 m²);

AP = Área da parcela experimental (5 m²).

3.3 Análise dos dados

Inicialmente, foram efetuadas as análises dos resultados dos marcadores moleculares para os genes Rhg1 e Rhg 4 associado a fonte de resistência PI88788 e Peking. A partir dessa análise apenas as 14 progênies que apresentavam genes segregando ou fixado para o caráter resistência ao nematoide de cisto foram avaliados na safra 2019/2020.

Os dados obtidos na safra 2019/2020 foram submetidos a análise de variância com o auxílio do software R e os grupos de médias comparados entre si pelo teste de SCOTT; KNOTT (1974) ao nível de 5% de probabilidade.

Modelo estatístico da análise individual

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + e_{(ij)}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do genótipo i no bloco j ;

m : média geral (constante);

g_i : efeito fixo do genótipo i ($i = 1, 2, 3, \dots, 17$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2$);

$e_{(ij)}$: erro experimental médio aleatório.

Modelo estatístico da análise de variância conjunta para produtividade de grãos

$$Y_{ijq} = m + g_i + a_q + b_{(q)j} + (ga)_{iq} + e_{(q)ij}$$

Em que:

Y_{ijq} : observação do genótipo i no bloco j dentro de ambiente q ;

m : média geral (constante);

g_i : efeito fixo do genótipo i ($i = 1, 2, 3, \dots, 17$);

a_q : efeito fixo do ambiente q ($q = 1, 2, 3$);

$b_{(q)j}$: efeito do bloco j dentro do local q ($j = 1, 2$);

$(ga)_{iq}$: efeito da interação genótipo i com o ambiente q ;

$e_{(q)ij}$: erro experimental médio aleatório.

4 RESULTADO E DISCUSSÃO

4.1 Análise Molecular Safra de Inverno 2019

Através da análise molecular descrita no apêndice (TABELA A2) foi identificado que o projeto 17BC559243 apresentou duas linhas selecionadas e o 17BC561029 uma linha, todas as linhagens com Rhg1_PK e Rhg4_PK fixados, indicando tolerância as raças 1 e 3 do NCS. Foi selecionado uma linha do projeto 17BC559101 e seis linhas do projeto 17BC560328, as quais possuíam Rhg1_88 fixado, predizendo uma tolerância a raça 3 e moderada tolerância/susceptibilidade as raças 6, 9, 10 e 14.

Nos projetos 17BC563575 e 17BC559436, ambos apresentaram duas linhas com segregação para os marcadores Rhg1_PK e Rhg4_PK, sendo selecionadas a fim de que no decorrer das gerações esses genes alcance a homozigose para o caractere em questão. Os projetos 17BC559189 e 17BC561879 não foram selecionados, pois segundo a análise dos marcadores, nenhuma das linhas apresentaram tolerância para o NCS.

4.2 Análise Estatística Safra 2019/20

A análise de variância individual para o caracter produtividade de grãos está presente no Apêndice (TABELA A1). Infere se que todas as fontes de variação foram significativas a ($p \leq 0,05$), ou seja, houve diferença no desempenho de produtividade de pelo menos uma das progênies avaliadas.

Foi verificada a precisão experimental através do Coeficiente de Variação (CV) e da acurácia (r_{gg}). Os CVs apresentaram magnitude entre baixa e média para produtividade de grãos com estimativas entre 9,23% e 17,15%. As acurácias dos experimentos para produtividade de grãos apresentaram alta precisão, variando de 75,061% a 88,016%.

Reduzir o erro experimental é um dos objetivos dos pesquisadores para que ocorra uma maior precisão experimental, gerando estimativas das médias ou de outros parâmetros mais precisos, assim foi proposto a utilização do coeficiente de variação e da acurácia para permitir a comparação da precisão experimental de diferentes experimentos (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). Segundo Resende e Duarte (2007), o CV é considerado baixo quando for inferior a 10%, ou seja, o experimento apresenta alta precisão; de 10 a 20% é considerado de médio e de boa precisão; 20 a 30% é alto e de baixa precisão e acima de 30 muito alto; já a acurácia é considerada de alta precisão quando está acima de 70%, média entre 30 e 70 e baixa com valores inferior a 30%.

Na análise de variância conjunta, verificou-se que as fontes de variação ambientes (A), tratamentos (T) e a interação tratamentos por ambientes (A*T) foram significativas ($p \leq 0,01$) (TABELA 4).

Tabela 4 – Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (Sacac.ha⁻¹) envolvendo 14 progênies de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nos municípios de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.

FV	GL	QM
AMBIENTES (A)	2	1085.806**
TRATAMENTOS (T)	16	309.797 **
BLOCOS/AMBIENTES	3	40.270
A*T	32	205.957**
ERRO	48	105,472
MÉDIA		66.211

** , significativo pelo teste F ao nível de 1%; * , significativo pelo teste F ao nível de 5%

Fonte: da autora (2021)

A existência da variação entre as progênies pode ser constatada a partir do teste de Scott-Knott (1974) onde foi comparada as médias para produtividade de grãos, as quais variaram de 78,9257 (Sacac.ha⁻¹) a 50.8904 (Sacac.ha⁻¹) ficando agrupadas em três grupos. As progênies 17BC560328_7 e 17BC560328_5 apresentaram as maiores médias se destacando em relação às testemunhas e as demais progênies testadas, deixando evidente o potencial para se realizar a seleção. As progênies com pior desempenho, na presente avaliação, foram as 17BC563575_1, 17BC559436_9 e 17BC561029_11, igualando-se estatisticamente com as testemunhas M8372IPRO e BMX CERTA IPRO (TABELA 5).

Tabela 5 – Médias conjuntas para a característica produtividade de grãos (Sacac.ha⁻¹) envolvendo 14 progênes de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nas cidades de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.

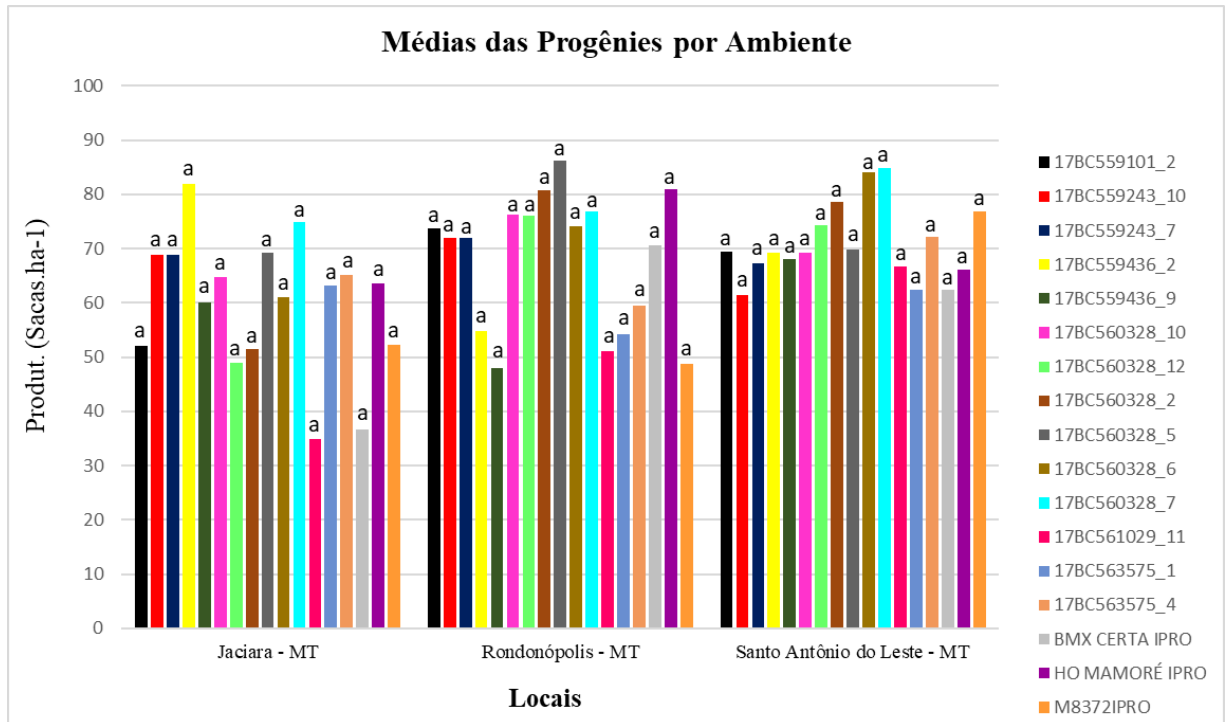
Tratamentos	ID_Linha	Produtividade
Progênie 11	17BC560328_7	78,9257 a
Progênie 9	17BC560328_5	75,1024 a
Progênie 10	17BC560328_6	73,1384 b
Progênie 8	17BC560328_2	70,3184 b
Testemunha 2	HO MAMORÉ IPRO	70,2308 b
Progênie 6	17BC560328_10	70,0264 b
Progênie 3	17BC559243_7	69,3355 b
Progênie 4	17BC559436_2	68,6779 b
Progênie 2	17BC559243_10	67,3712 b
Progênie 7	17BC560328_12	66,3794 b
Progênie 14	17BC563575_4	65,5962 b
Progênie 1	17BC559101_2	65,0669 b
Progênie 13	17BC563575_1	59,9478 c
Testemunha 3	M8372IPRO	59,2908 c
Progênie 5	17BC559436_9	58,7149 c
Testemunha 1	BMX CERTA IPRO	56,5731 c
Progênie 12	17BC561029_11	50,8904 c

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott (1974) ao nível de 5% de probabilidade.

Fonte: da autora (2021)

Em um primeiro momento, a comparação da existência de interação entre linhagem x ambiente pode ser observada na Figura 2. Percebe-se que nenhuma linhagem apresentou performance superior em todos os ambientes. A diversidade das condições ambientais como fertilidade de solo, precipitação, temperatura, entre outros fatores implica diretamente no comportamento das cultivares, fazendo com que não seja consistente nos diferentes ambientes a que elas são submetidas, isso é esperado graças a forte interação genótipos x ambientes (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

Figura 2 – Produtividade média (Sacac.ha⁻¹) das 14 progênes de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nos municípios de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.



Fonte: da autora (2021).

5 CONCLUSÃO

A análise prévia dos marcadores moleculares no inverno para seleção de progênies resistentes ao NCS permite a antecipação de resultados de carácter não quantitativo e consequentemente a testagem para produtividade de um volume menor de progênies na geração seguinte

Para produtividade de grãos as progênies 17BC560328_7 e 17BC560328_5 figuram-se promissoras, pois apresentaram as maiores médias com relação aos três ambientes testados, além de possuir o gene Rhg1 associado a fonte de resistência PI 88788 que confere tolerância a raça 3, moderada tolerância ou suscetibilidade às raças 6, 9, 10 e 14 do nematoide de cisto da soja.

REFERÊNCIAS

- ABDELNOOR, R. V.; ALMEIDA, A. M. R. **Uso de marcadores moleculares nos estudos do nematoide de cisto da soja**. Londrina: Embrapa soja, 1999. p. 118-130.
- ARANTES, N.E.; KIIHL, R.A.S.; ALMEIDA, L.A. **Melhoramento genético visando à resistência**. In: SOCIEDADE BRASILEIRA DE NEMATOLOGIA (Ed.). O nematóide de cisto da soja: a experiência brasileira. Jaboticabal: Artsingner, 1999. p.105-117.
- ARANTES, N. E.; SOUZA, P. I. de M. de. **Cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Potafós, 1993. p. 267-268.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in Plants**. Ed. 2. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400 p.
- BIZARI, E. H. **Índices de seleção para caracteres agronômicos em populações segregantes de soja**. 2014. 44 p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista - UNESP, 2014.
- BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2009. p. 487-490.
- BRITO, G. G. *Xiphinema americanum*. (Cobb, 1913) (Dorylaimida: Longidoridae): espécie – praga quarentenária para o Brasil. Santa Maria: Ciência Rural, v. 35, n.1, 2005. p. 12.
- BUENO, L. C. de S; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.
- CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L) Merrill] em cultivo de verão no Sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, p. 892-899, 2010.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Brasília: Conab, v. 8, n. 8, 2021. p. 85-95.
- CORREA, A. M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. *Revista Ceres*, v. 59, n. 1, p. 88-94, 2012. ISSN 2177-3491.
- DHINGRA, O.D.; MENDONÇA, H.L.; MACEDO, D.M. Doenças e seu controle. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. 1. ed. Londrina: Mecenasa, 2009. p.133-155.
- DIAS, W. P. et al. Genetic control in soybean of resistance to soybean cyst nematode race 4⁺. *Euphytica*, v. 145, p. 321-329, 2005.

- DIAS, W. P.; SILVA, J. F. V.; KIIHL, R. A. S.; HIROMOTO, D. M.; ABDELNOOR, R. V. **Quebra da resistência da cv. Hartwig por população de campo do nematoide de cisto da soja (*Heterodera glycines*)**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 33, p. 971-973, 1998.
- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja. Tecnologia de produção de soja na região central do Brasil – 2007, **Sistema de Produção**, Londrina, n. 11, 2006.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil, 2011**. Londrina: Embrapa soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2010. (Sistemas de Produção/Embrapa Soja, nº14). 255p.
- FEHR, W. R., CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. **Ames: Iowa State University**, 12p. (Iowa State University. Special Report, 80), 1977.
- GOLDEN, A. M.; MEDINA, M. R. A. ***Heterodera glycines* em soya y frijol em el Valledel Cauca, Colombia**. Nematrópica, v. 13, p. 229-237, 1983.
- JULIATTI, F. C. **Análise de genótipos de soja quanto á resistência ao nematoide do cisto**. 2015. 61 p. Tese (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Uberlândia, 2015.
- LGC GENOMICS. **The KASP genotyping assay from LGC Genomics**. Kbio Science, Berlin, 2012. 5 p.
- LOPES, V. R. **Divergência genética entre clones de cana de açúcar da série RB97**. 2007. 87 p. Tese (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, 2007.
- MARQUES, F. S. Estratégias de seleção no melhoramento genético de soja. 2017. 24 p. **Tese (Mestrado em Fitotecnia)** – Universidade Federal de Lavras: UFLA, 2017.
- MATSON, A. L.; WILLIAMS, L. F. **Evidence of a fourth gene for resistance to the soybeans cyst nematode**. Crop Science, Madison, v. 5, n. 5, p. 477, 1965.
- MENDES, M. L.; DICKSON, D. W. **Detection of *Heterodera glycines* on soybean in Brazil**. Saint Paul: Plant Disease, v. 77, n. 5, p. 499-500, 1993.
- MOURA, F. M; VENCOVSKY, R.; SILVA, V. F. J.; MORAIS, K. L.; MOURA, F. N.; PINHEIRO, B. J. **Parâmetros genéticos da resistência da soja ao nematoides-de-cisto raça 1**. Bragantia, Campinas/SP, v. 67, n. 01, p. 119-125, 2008.
- OLIVEIRA, R. C. et al. **Progênies superiores de soja resistentes ao tipo 3 do nematóide de cisto da soja**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.40, n.8, p.45-751, 2005.
- RAFALSKI, A. **Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics**. Current Opnion in Plant Biology, v.5, n. 2, p. 94-100, 2002.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. D.; DUARTE, J. B. Precision and Quality Control in Variety Trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007. ISSN 1983-4063.

RIGGS, R. D.; SCHMITT, D. P. **Complete characterization of the race scheme for *Heterodera glycines***. Journal of Nematology, Hanover, v.20, n. 3, p. 392-395, 1988.

ROBERTS, P. A. **Concepts and consequences of resistance**. Wallingford: CAB International, p. 23-41, 2002.

SANTANA, F. A. **Seleção Assistida e diversidade genética de fontes de resistência ao nematoide de cisto de soja**. 2008. 86 p. Tese (Pós Graduação em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

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

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009. p. 3-4.

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

TESSELE, A. **Seleção Genômica ampla para escolha de genitores de soja e predição do desempenho de populações híbridas**. 2017. 63 p. Tese (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2017.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. **Grains productivity, adaptability and stability of earlier and medium cycles of soybean genotypes**. Londrina: Ciências Agrárias, v. 36, 2015. p. 1203-1214.

WRATHER, J. A. et al. **Soybean disease loss estimates for the top ten soybean producing countries in 1998**. Ontario: Canadian Journal of Plant Pathology, v. 23, n. 2, p. 115-121, 2001.

WRATHER, J. A.; KOENNING, S. R. **Estimates of disease effects on soybean yields in the United States**. Hanover: Journal of Nematology, v. 38, n. 2, p. 173-180, 2006.

ZORZETTO, M. M. et al. Análise dialéctica da capacidade combinatória em soja. **Biociências**, Unita, v. 14, n. 2, 2008. P. 105-107.

APÊNDICE

Tabela A1 – Resumo da análise de variância individual para produtividade de grãos (Sacas.ha⁻¹) envolvendo 14 progênies de soja e 3 cultivares comerciais (testemunhas), nas cidades de Jaciara, Rondonópolis e Santo Antônio do Leste localizadas no Estado de Mato Grosso no ano agrícola 2019/20.

FV	GL	QM		
		Jaciara	Rondonópolis	Sto. Antônio
BLOCOS	1	39,733	50,992	30,087
TRATAMENTOS	16	314,052**	309,956**	97,706*
ERRO	16	105,472	69,836	42,656
MÉDIA		59,9	68	70,8
CV (%)		17,150	12,289	9,230
r^2_{gg} (%)		81,495	88,016	75,061

** , significativo pelo teste F ao nível de 1%; * , significativo pelo teste F ao nível de 5%

Fonte: da autora (2021).

Tabela A2 – Análise de marcadores moleculares para os genes Rhg1 e Rhg4.

Projeto	ID Linha	Marcadores (gene Rhg1 e Rhg4)			Critério
		RHG1_88	RHG1_P K	RHG4_P K	
17BC559243	17BC559243_1	-	-	-	Linha Falhada
17BC559243	17BC559243_2	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_3	NEG:NEG	NEG:POS	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_4	NEG:NEG	NEG:POS	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_5	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_6	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_7	NEG:NEG	POS:POS	POS:POS	Seleção
17BC559243	17BC559243_8	-	-	-	Linha Falhada
17BC559243	17BC559243_9	-	-	-	Linha Falhada
17BC559243	17BC559243_10	NEG:NEG	POS:POS	POS:POS	Seleção
17BC559243	17BC559243_11	NEG:NEG	NEG:POS	POS:POS	Não Seleccionada
17BC559243	17BC559243_12	-	-	-	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_1	-	-	-	Linha Falhada
17BC559101	17BC559101_2	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC559101	17BC559101_3	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_4	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Pouca Semente
17BC559101	17BC559101_5	-	-	-	Linha Falhada
17BC559101	17BC559101_6	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_7	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_8	-	-	-	Linha Falhada
17BC559101	17BC559101_9	-	-	-	Linha Falhada
17BC559101	17BC559101_10	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_11	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559101	17BC559101_12	-	-	-	Linha Falhada
17BC559189	17BC559189_1	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_2	NEG:NEG	POS:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_3	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_4	NEG:NEG	POS:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_5	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_6	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_7	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_8	NEG:NEG	POS:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_9	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_10	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_11	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC559189	17BC559189_12	NEG:NEG	POS:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC560328	17BC560328_1	NEG:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC560328	17BC560328_2	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC560328	17BC560328_3	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Pouca Semente
17BC560328	17BC560328_4	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada

17BC560328	17BC560328_5	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC560328	17BC560328_6	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC560328	17BC560328_7	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC560328	17BC560328_8	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Pouca Semente
17BC560328	17BC560328_9	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC560328	17BC560328_10	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC560328	17BC560328_11	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Pouca Semente
17BC560328	17BC560328_12	POS:POS	NEG:NEG	NEG:NEG	Seleção
17BC561879	17BC561879_1	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_2	-	-	-	Linha Falhada
17BC561879	17BC561879_3	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_4	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_5	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_6	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_7	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_8	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_9	-	-	-	Linha Falhada
17BC561879	17BC561879_10	-	-	-	Linha Falhada
17BC561879	17BC561879_11	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC561879	17BC561879_12	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_1	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:POS	Seleção
17BC563575	17BC563575_2	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_3	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:POS	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_4	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:POS	Seleção
17BC563575	17BC563575_5	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_6	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_7	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_8	-	-	-	Linha Falhada
17BC563575	17BC563575_9	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_10	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_11	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC563575	17BC563575_12	-	-	-	Linha Falhada
17BC559436	17BC559436_1	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:POS	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_2	NEG:NEG	NEG:POS	POS:POS	Seleção
17BC559436	17BC559436_3	-	-	-	Linha Falhada
17BC559436	17BC559436_4	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_5	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:POS	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_6	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:POS	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_7	-	-	-	Linha Falhada
17BC559436	17BC559436_8	NEG:NEG	POS:POS	NEG:NEG	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_9	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:POS	Seleção
17BC559436	17BC559436_10	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Selecionada
17BC559436	17BC559436_11	-	-	-	Linha Falhada
17BC559436	17BC559436_12	-	-	-	Linha Falhada

17BC561029	17BC561029_1	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_2	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Seleccionada
17BC561029	17BC561029_3	NEG:NEG	NEG:NEG	POS:POS	Não Seleccionada
17BC561029	17BC561029_4	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_5	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_6	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_7	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC561029	17BC561029_8	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_9	-	-	-	Linha Falhada
17BC561029	17BC561029_10	NEG:NEG	NEG:NEG	NEG:NEG	Não Seleccionada
17BC561029	17BC561029_11	NEG:NEG	POS:POS	POS:POS	Seleção
17BC561029	17BC561029_12	NEG:NEG	NEG:POS	NEG:NEG	Não Seleccionada

Fonte: da Autora (2021)

PRODUTO TÉCNICO ATRELADO

REGISTRO NO MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO DA LINHAGEM 17BC560328_7 COMO EXP-873 (MATERIAL EXPERIMENTAL/ PRÉ-COMERCIAL)

**Brenda Françuises Martins da Silva
Adriano Teodoro Bruzi
Carlos Eduardo Pulcinelli
Irineu Hartwig**

INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) se enquadra dentre uma das principais culturas do Brasil e do mundo, apresentando uma extensa área cultivada e elevado potencial produtivo, além de ser uma ótima fonte de proteína e óleo tanto para alimentação humana, quanto animal (BEZERRA et al., 2015)

Em virtude da importância socioeconômica dessa cultura, se busca constantemente nos programas de melhoramento genético cultivares que apresentem maiores produtividades de grãos, porém a expressão fenotípica dessa característica está diretamente influenciada por fatores genético e ambientais como clima, temperatura, pragas, doenças, entre outros.

Segundo Rivas (2015), inúmeras doenças podem causar a perda de produtividade nas lavouras de soja, e os fitonematóides são responsáveis por sérios danos proporcionando ao agronegócio, estimado em cerca de R\$ 16 bilhões.

O Nematóide de Cisto da Soja (NCS) é considerado um dos principais patógenos dessa cultura, sendo que a seleção de progênies que apresentem resistência se tornou rotineira nos programas de melhoramento genético.

O registro da linhagem 17BC560328_7 como EXP-873 no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, tem o intuito de disponibilizar futuramente aos produtores rurais uma cultivar que possua resistência ao NCS e um excelente potencial produtivo.

DESENVOLVIMENTO

A empresa SEEDCORP HO PRODUÇÃO E COMERCIALIZAÇÃO DE SEMENTES S.A foi responsável por todo o desenvolvimento do material experimental/ Pré-comercial EXP-873, iniciado no ano de 2015 através do cruzamento das cultivares 7x1 IPRO x BMXBONUSIPRO (cultivares comerciais que podem ser utilizadas em cruzamentos para fins de melhoramento genético de soja), passando pelas gerações F1, F2, teste de progênes, avanços de gerações, ensaios de multilocais e VCU (Valor de Cultivo e Uso), esse último realizado na safra 2020/2021.

A linhagem EXP-873 possui um ciclo de aproximadamente 117 dias e apresentou um ótimo desempenho nos ensaios de multilocais e VCU (FIGURA 1).

Figura 1: Linhagem EXP-873 em Formoso do Araguaia – TO.



No dia 03/08/2021 foi efetivado o registro dessa linhagem como EXP-873, a qual é uma soja geneticamente modificada resistente a insetos e tolerante ao herbicida glifosato (Intacta RR2PRO) (ANEXO 1).

No ensaio de avanço de geração realizado no inverno de 2019 em Formoso do Araguaia – TO foi identificado através de marcadores moleculares a presença do gene Rhg1 associado a fonte de resistência PI88788 que confere tolerância a raça 3, moderada tolerância ou susceptibilidade as raças 6,9,10 e 14 do nematoide de cisto da soja.

No ano safra 2020/21 foram encaminhadas amostras da linhagem ao laboratório de fitopatologia para comprovação de resistência ao NCS, a qual é calculada a partir do índice de fêmeas (IF), isto é, $IF (\%) = (\text{número médio de fêmeas obtido na cultivar em teste} / \text{número médio de fêmeas obtido em 'Lee 74'}) \times 100$, assim genótipos com $IF < 10\%$ são classificados como resistentes, entre 10 e 30 % são caracterizados como moderadamente resistente e $IF > 30\%$ são suscetíveis (TABELA 1) (MAPA, 2007).

Tabela 1 – Reação a raças de *Heterodera glycines*.

<i>Heterodera glycines</i>	IF (%)	Reação
Raça 3	1,7	Resistente
Raça 6	25,8	Moderadamente Resistente
Raça 9	12,5	Moderadamente Resistente
Raça 14	16,1	Moderadamente Resistente
Raça 1	77,2	Suscetível

Fonte: da Autora (2021).

Além da resistência ao NCS, foi idetenficado nessa linhagem a resistência ao Cancro da Haste (*Phomopsis phaseoli var. meridionalis/Diaporthe phaseolorum var meridionalis*) e Pústula Bacteriana (*Xanthomonas axonopodis pv. glycines*) doenças essas que podem causar danos severos em lavouras de soja.

Segue abaixo os principais descritores do material experimental/ Pré-comercial EXP-873 (TABELA 2):

Tabela 2 – Relatório de Descritores Agronômicos EXP-873.

Descritores Agronômicos	
Brilho da semente	Baixa
Cor da flor	Branca
Cor da pubescência	Marrom clara
Cor da vagem	Marrom clara
Cor do hilo	Marrom
Cor do tegumento	Amarelo
Densidade da pubescência	Média

Forma da semente	Esférica achatada
Pig. Antociânina do hipocótilo	Presente
Reação a peroxidase	Negativa
Tipo de crescimento	Indeterminado

Fonte: da autora (2021)

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A linhagem EXP-873 é uma grande aposta para lançamento, tornando se uma promissora cultivar para as próximas safras que poderá estar no portfólio da marca HO GENÉTICA ou da Ellas GENÉTICA, ambas são marcas da SEEDCORP HO.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Importância Econômica. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Org.). **Soja – do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2015. p. 9-26.

MAPA – MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-agricolas/soja_anexo_ii_-_protocolos_doen-c7as_p.doc/@@download/file/soja_anexo_ii_-_protocolos_doen-c7as_p.doc>. Acesso em: 20 jul. 2021.

RIVAS, L. **Por ano, nematoides causam prejuízos de R\$35 milhões ao agronegócio nacional**. Agrolink, 2015. Disponível em: <https://www.agrolink.com.br/noticias/por-ano--nematoides-causam-prejuizos-de-r--35-bilhoes-ao-agronegocio-nacional_343212.html>. Acesso em: 20 jul. 2021.

ANEXOS

Anexo A – Registro no MAPA da Linhagem EXP-873.

05/08/2021

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

CultivarWeb

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

 Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MATERIAL EXPERIMENTAL / PRÉ-COMERCIAL :

EXP-873 *

EVENTO DE TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA:

MON87701 x MON89788: Soja geneticamente modificada resistente a insetos e tolerante ao herbicida glifosato (Soja Intacta RR2PRO)

NOME COMUM:

Soja

NOME CIENTÍFICO:

Glycine max (L.) Merr.

SITUAÇÃO:

REGISTRADA

Nº FORMULÁRIO:

202100138

Nº REGISTRO:

49053

DATA DO REGISTRO:

03/08/2021

MANTENEDOR (REQUERENTE):

SEEDCORP HO PRODUÇÃO E COMERCIALIZAÇÃO DE SEMENTES S.A

ENDEREÇO: Rua Formosa, Nº 120, - Jardim Luciana II

CEP: 78.850-000 - Primavera do Leste - MT

FONE: (66) 3016-0424

DESCRITORES**RELATÓRIO DE DESCRITORES****ARQUIVOS DIGITAIS**

[http://proton.imagemprocesso/2021/07/\[38d5e4dce89d3202e45347074a164ada\]_declara_o_do_melhorista_17bc560328_7_3.pdf](http://proton.imagemprocesso/2021/07/[38d5e4dce89d3202e45347074a164ada]_declara_o_do_melhorista_17bc560328_7_3.pdf)
- DECLARAÇÃO DO OBTENTOR - 15/07/2021

[http://proton.imagemprocesso/2021/07/\[c55fab620679f337f1562942ef57b0d5\]_capa_processo_registro.pdf](http://proton.imagemprocesso/2021/07/[c55fab620679f337f1562942ef57b0d5]_capa_processo_registro.pdf) - CAPA DE PROCESSO - RNC - 15/07/2021

* = CULTIVAR GENETICAMENTE MODIFICADA

= DESTINADA EXCLUSIVAMENTE À PRODUÇÃO DE SEMENTES DA CATEGORIA GENÉTICA. NÃO ESTÁ AUTORIZADA A PRODUÇÃO E COMERCIALIZAÇÃO DE SEMENTES DAS CATEGORIAS BÁSICA, C1, C2, S1 E S2.