

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MELHORAMENTO DE SOJA PARA RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO
CARVÃO: AVALIAÇÃO DA PATOGENICIDADE DE FUNGOS DO GÊNERO
Macrophomina E ANÁLISE DIALÉLICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES**

Hortência Kardec da Silva

Licenciada em Ciências Biológicas

2024

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MELHORAMENTO DE SOJA PARA RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO
CARVÃO: AVALIAÇÃO DA PATOGENICIDADE DE FUNGOS DO GÊNERO
Macrophomina E ANÁLISE DIALÉLICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES**

Hortência Kardec da Silva

Orientador (a): Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientador: Dr. Dartanhã José Soares

Tese apresentada à Faculdade de Ciências
Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus
de Jaboticabal, como parte das exigências
para a obtenção do título de Doutora em
Agronomia (Genética e Melhoramento de
Plantas)

2024

S586m	Silva, Hortência Kardec Melhoramento de soja para resistência à podridão do carvão: : Avaliação da patogenicidade de fungos do gênero <i>Macrophomina</i> e análise dialética de populações segregantes / Hortência Kardec Silva. -- Jaboticabal, 2024 50 f. : tabs., fotos Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal Orientadora: Sandra Helena Unêda- Trevisoli Coorientador: Dartanhã José Soares 1. <i>Glycine max</i>. 2. Podridão do carvão. 3. <i>Macrophomina pseudophaseolina</i>. 4. <i>Macrophomina euphorbiicola</i>. I. Título.
-------	---

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: MELHORAMENTO DE SOJA PARA RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO CARVÃO:
AVALIAÇÃO DA PATOGENICIDADE DE FUNGOS DO GÊNERO *Macrophomina* E
ANÁLISE DIALÉLICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES

AUTORA: HORTÊNCIA KARDEC DA SILVA

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

COORDENADOR: DARTANHÃ JOSÉ SOARES

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / FCAV UNESP Jaboticabal

Pesquisadora Dra SALLY FERREIRA BLAT (Participação Virtual)
Departamento de Descentralização do Desenvolvimento / APTA - Ribeirão Preto, SP

Prof. Dr. FÁBIO LUIZ CHECCHIO MINGOTTE (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / FCAV UNESP Jaboticabal

Prof. Dr. GLAUCO VIEIRA MIRANDA (Participação Virtual)
Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Santa Helena/UTFPR / Santa Helena/PR

Prof. Dra. RITA DE CÁSSIA PANIZZI (Participação Presencial)
Departamento de Fitossanidade / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 28 de março de 2024

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

HORTÊNCIA KARDEC DA SILVA – filha de Cleonice Marlene da Silva e Alan Kardec Luis da Silva, nasceu em 23 de outubro de 1989, natural de São Raimundo Nonato, estado do Piauí. Graduada no ano de 2011 em Licenciatura em Ciências Biológicas no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnológico Piauí, IFPI, Teresina – PI. Foi bolsista de Iniciação científica PIBIC/ CAPES no ano de 2010. Em março de 2016 ingressou no curso de Pós- graduação em Recursos Genéticos Vegetais, nível de mestrado, na Universidade Estadual de Feira de Santana, UEFS, Feira de Santana – BA. Em agosto de 2019 ingressou no curso de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), nível de doutorado, pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (UNESP/FCAV), Jaboticabal, SP, sendo bolsista CAPES, tendo como orientadora a Prof^a. Dr^a. Sandra Helena Unêda-Trevisoli e coorientador o Dr. Dartanhã José Soares.

“ Mais importante que a conquista é
o caminho que te levou até ela”

Orlando Silva

Aos meus pais, Cleonice e Alan, e minha irmã, Paolla
Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo amor e por me conceder saúde, força e sabedoria para seguir em frente diante dos desafios, tornando possível a conclusão dessa etapa tão importante na minha vida.

Aos meus pais, Alan e Cleonice, pelo amor, apoio, incentivo e presença em tantos altos e baixos da minha vida.

A minha irmã, Paolla, pelo amor, companheirismo, apoio, incentivo, conversas e presença em todos os momentos da minha vida.

Ao meu namorado Amauri, pelo amor, companheirismo, cuidado, apoio, incentivo e por ser “a calmaria no meio da tempestade”.

À Professora Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela oportunidade, ensinamentos, motivação, compreensão, tranquilidade e paciência.

À Professora Rita de Cássia Panizzi, pela disponibilidade, ensinamentos e contribuições na condução dos experimentos realizados na casa de vegetação.

Ao Dr. Dartanhã José Soares, pelos ensinamentos e contribuição no desenvolvimento do trabalho.

A todos do laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas (LBMP), Antônio, Lígia, Ana Paula, Júlia, Alice, Alyce Carla, Thayná, Dardânia, Jardel por toda a ajuda na condução dos experimentos de campo e casa de vegetação, pela troca de conhecimentos e experiências.

Aos funcionários da FEPE, pelo auxílio nos experimentos de campo e casa de vegetação.

Às amigas da pós-graduação Aparecida, Jéssica, Juliana, Alexsandra e Letícia pelos bons momentos e por tornarem essa caminhada mais agradável.

A Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP/ FCAV), pela oportunidade de realização do curso de Doutorado.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudo.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

RESUMO.....	iii
ABSTRACT	iv
CAPÍTULO 1 – Considerações gerais.....	1
1. Introdução	1
2. Revisão de Literatura	3
2.1 A cultura da soja.....	3
2.2 Podridão do carvão	4
2.2.1 Agente causal.....	4
2.2.2 Sintomas.....	6
2.2.3 Controle	7
2.3 Melhoramento genético por hibridação	8
2.4 Análise dialélica.....	9
3. Referências bibliográficas	11
CAPÍTULO 2 – Introgessão de germoplasma exótico para obtenção de linhagens de soja tropical resistentes à <i>Macrophomina</i> spp.....	16
RESUMO.....	16
ABSTRACT	17
1. Introdução	18
2. Material e Métodos.....	20
2.1 Material vegetal	20
2.2 Condução experimental.....	21
2.3 Análises estatísticas.....	22
3. Resultados	23
4. Discussão.....	29
5. Conclusão	33
6. Referências bibliográficas	34
CAPÍTULO 3- Patogenicidade de diferentes isolados de <i>Macrophomina</i> spp.em soja	38
RESUMO.....	38
ABSTRACT	39
1. Introdução	40
2. Material e Métodos.....	41

2.1 Isolados de <i>Macrophomina</i> spp	41
2.2 Genótipos de soja.	42
2.2 Preparação do inóculo	42
2.3 Delineamento experimental e método de inoculação	43
2.4 Avaliação da doença	43
2.5 Análise estatística dos dados	44
3. Resultados	44
4. Discussão	46
5. Conclusão	47
6. Referências bibliográficas	48

MELHORAMENTO DE SOJA PARA RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO CARVÃO: AVALIAÇÃO DA PATOGENICIDADE DE FUNGOS DO GÊNERO *Macrophomina* E ANÁLISE DIALÉLICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES

RESUMO As doenças causadas por fungos, bactérias, fitoplasmas, nematóides e vírus impactam negativamente a produção da cultura da soja. A podridão do carvão causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* leva a graves perdas no rendimento da soja. Um programa de melhoramento genético depende da seleção dos genótipos e da sua elevada capacidade de combinação. Além disso, durante muito tempo, *M. phaseolina* foi considerado o agente causal de podridões radiculares em inúmeras culturas. Entretanto, estudos recentes têm demonstrado que mais de uma espécie de *Macrophomina* causa podridão do carvão. Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram: i) estimar a capacidade geral e específica de genitores de soja; ii) selecionar populações segregantes de soja portadoras de resistência à podridão do carvão; iii) avaliar a patogenicidade de isolados de *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* em genótipos de soja. Para estimar a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) dos genitores e populações segregantes de soja, foram utilizados cruzamentos dialélicos parciais e as avaliações foram realizadas durante três anos agrícolas na área experimental da “FEPE” na UNESP/ FCAV. Por sua vez, para avaliação da patogenicidade dos isolados de *Macrophomina* spp. em soja, o experimento foi realizado em casa de vegetação e constituiu-se por cinco genótipos de soja e cinco isolados de três espécies de *Macrophomina* spp. dispostos em arranjo fatorial e conduzido no delineamento em blocos casualizados com três repetições por combinação de tratamento. Os resultados da análise dialélica indicaram predominância dos efeitos aditivos para os caracteres avaliados. As estimativas de CGC relevaram que os genitores PI 594302 e VMAX RR se destacaram quanto a CGC para APF, APM, AIV, VA e PG. A população PI 594302 x VMAX RR é promissora para a extração de progênies superiores para APF, VA e PG e as populações PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX RR são promissoras para a extração de progênies superiores para APM e AIV. As progênies selecionadas que se constituem atualmente em linhagens endogâmicas recombinantes podem prosseguir para os testes de confirmação de resistência à podridão do carvão, visando lançamento como futuros genótipos comerciais. Por sua vez, os resultados do teste de patogenicidade revelaram que as três espécies de *Macrophomina* spp. foram patogênicas nos genótipos de soja, sendo que *M. phaseolina* e *M. pseudophaseolina* apresentaram maior severidade da doença que *M. euphorbiicola*, sendo tais resultados inéditos para a cultura da soja. Entretanto, estudos adicionais com novos genótipos de soja e outros isolados deverão ser realizados para um melhor entendimento sobre a patogenicidade dessas novas espécies recentemente descritas pertencentes ao gênero *Macrophomina*.

Palavras-chave: *Glycine max*, podridão do carvão, *Macrophomina pseudophaseolina*, *Macrophomina euphorbiicola*.

IMPROVEMENT OF SOYBEAN FOR RESISTANCE TO CHARCOAL ROT: EVALUATION OF THE PATHOGENICITY OF FUNGI OF THE GENUS *Macrophomina* AND DIALELLIC ANALYSIS OF SEGREGANT POPULATIONS

ABSTRACT Diseases caused by fungi, bacteria, phytoplasmas, nematodes and viruses negatively impact soybean production. Charcoal rot caused by the fungus *Macrophomina phaseolina* leads to serious losses in soybean yield. A genetic improvement program depends on the selection of genotypes and their high combining capacity. Furthermore, for a long time, *M. phaseolina* was considered the causal agent of root rot in numerous crops. However, recent studies have shown that more than one species of *Macrophomina* causes charcoal rot. Given the above, the objectives of this work were: i) to estimate the general and specific capacity of soybean parents; ii) select segregating soybean populations carrying resistance to charcoal rot; iii) evaluate the pathogenicity of isolates of *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* and *M. euphorbiicola* in soybean genotypes. To estimate the effects of the general combining capacity (GCG) and specific combining capacity (CEC) of soybean parents and segregating populations, partial diallel crosses were used and evaluations were carried out during three agricultural years in the “FEPE” experimental area in UNESP/FCAV. In turn, to evaluate the pathogenicity of *Macrophomina* spp. in soybean, the experiment was carried out in a greenhouse and consisted of five soybean genotypes and five isolates of three species of *Macrophomina* spp. arranged in a factorial arrangement and conducted in a randomized block design with three replications per treatment combination. The results of the diallel analysis indicated a predominance of additive effects for the evaluated characters. The CGC estimates revealed that the parents PI 594302 and VMAX RR stood out in terms of CGC for APF, APM, AIV, VA and PG. The population PI 594302 x VMAX RR is promising for the extraction of superior progenies for APF, VA and PG and the populations PI 594302 x BMX APOLO RR and PI 567562 A x VMAX RR are promising for the extraction of superior progenies for APM and AIV. The selected progenies that currently constitute recombinant inbred lines can proceed to confirmation tests for resistance to charcoal rot, with a view to launching them as future commercial genotypes. In turn, the results of the pathogenicity test revealed that the three species of *Macrophomina* spp. were pathogenic in soybean genotypes, with *M. phaseolina* and *M. pseudophaseolina* showing greater disease severity than *M. euphorbiicola*, such results being unprecedented for soybean crops. However, additional studies with new soybean genotypes and other isolates should be carried out to better understand the pathogenicity of these new species belonging to the genus *Macrophomina*, aiming to verify their importance as potentially emerging pathogens in soybean.

Keywords: *Glycine max*, disease resistance, *Macrophomina pseudophaseolina*, *Macrophomina euphorbiicola*.

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1.Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das culturas mais importantes do mundo. Esta leguminosa possui percentagem elevada de óleo, proteína e outros produtos valiosos, e sua produção aumenta anualmente devido ao aumento diário da procura (Bao et al., 2019). Globalmente, são cultivados 139 milhões de hectares de soja e a produção mundial total é de 398,9 milhões de toneladas. O Brasil é o maior produtor global de soja, seguido pelos Estados Unidos e Argentina (USDA, 2024c).

As doenças causadas por fungos, bactérias, fitoplasmas, nematóides e vírus impactam negativamente o rendimento e qualidade da produção de soja (Bandara et al., 2020). Estão entre as doenças mais prevalentes nas regiões produtoras de soja no Brasil: Ferrugem da soja, decomposição de sementes por *Phomopsis*, mancha foliar de *Cercospora*, nematóide de cisto da soja e podridão do carvão (Lin et al., 2022).

A podridão do carvão leva a graves perdas no rendimento da soja e na qualidade das suas sementes, sendo causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* que sobrevive no solo e coloniza raízes e caule, bloqueando os tecidos vasculares e diminuindo a absorção de nutrientes e o movimento da água (Bellaloui et al., 2023).

Para o manejo dessa doença algumas estratégias se mostraram ineficazes como a rotação de culturas, uso da irrigação, tratamento de sementes e aplicações de fungicidas (Luna et al., 2017; Cosser et al., 2017). Uma medida alternativa de controle seria a resistência genética que minimizaria o uso de fungicidas, reduziria a perda de colheitas e promoveria o manejo sustentável da produção (Silva et al., 2019; Luna et al., 2017). Até o momento, nenhum genótipo de soja com altos níveis de resistência foi identificado (Bellaloui et al., 2023). Entretanto, resistência moderada à podridão do carvão vegetal foi observada em genótipos de soja, que podem ser utilizados em programas de melhoramento para obtenção de cultivares que resistam, mesmo que parcialmente, a ação dessa doença (Paris et al., 2006; Mengistu et al., 2007; Mengistu et al., 2013; Pawlowski, et al., 2015).

Programas de melhoramento genético dependem da seleção de

genótipos e da sua elevada capacidade de combinação, além disso o conhecimento da herança das características em estudo é essencial (Azam et al., 2022). Desse modo, análises genéticas quantitativas como os cruzamentos dialélicos podem ser utilizadas. A análise dialélica permite conhecer a natureza e magnitude das ações gênicas envolvidas na expressão de características quantitativas e também auxilia na seleção dos melhores genitores e populações mais promissoras, através da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) respectivamente (Kundua et al., 2024). A CGC refere-se ao desempenho médio dos pais em uma série de cruzamentos. Em contraste, a CEC refere-se à uma combinação híbrida que é melhor ou pior do que o esperado com base no desempenho médio dos parentais envolvidos. Genitores com alto efeito de CGC apresentam ação gênica aditiva, enquanto isso, CEC elevada identifica ação genética não aditiva (Manun et al., 2022)

Historicamente, *M. phaseolina*, foi considerado o agente causal de podridões radiculares em inúmeras culturas. Entretanto, estudos moleculares recentes têm demonstrado que mais de uma espécie de *Macrophomina* pode estar associada à mesma sintomatologia, tanto num mesmo hospedeiro quanto em hospedeiros distintos (Sarr et al., 2014; Machado et al., 2019; Zhao et al., 2019; Poudel et al. 2021). Embora *M. phaseolina* seja a única espécie descrita como o agente causal da podridão do carvão na cultura da soja, no Brasil (Sediyama et al., 2015), estudos recentes apontam para o fato de que outras espécies de *Macrophomina* são comumente encontradas no país em outras culturas (Brito et al., 2019; Machado et al., 2019; Negreiros et al., 2019; Mello et al., 2021). Dessa forma, em programas de melhoramento, além de conhecer a variabilidade genética da planta, deve-se estar atento a necessidade de avaliar a ampla diversidade do patógeno visando obter resultados mais confiáveis. Além disso, até o momento não existem trabalhos na literatura sobre a patologia de diferentes espécies do gênero *Macrophomina* na cultura da soja.

Mediante o exposto, os objetivos deste trabalho consistem em: i) estimar a capacidade geral e específica de genitores de soja; ii) avaliar e selecionar populações segregantes de soja portadoras de resistência à podridão do carvão por meio de análises dialélicas; iii) avaliar a patogenicidade de isolados de *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* em genótipos de soja.

2.Revisão de Literatura

2.1. A cultura da soja

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill], pertence a família Fabaceae, possui como centro de origem a China e é considerada umas das espécies vegetais mais antigas cultivadas pelo homem (Oliveira Neto e Gonçalves, 2019). A soja alcançou o mundo ocidental oficialmente a partir do século XVIII, com o seu cultivo na Europa, sendo o primeiro registro de cultivo de soja nas Américas ocorrido nos EUA, mais especificamente na Geórgia, em 1765 (Gazzoni e Dall'Agnol, 2018). O primeiro registro do cultivo de soja no Brasil é atribuído a Gustavo D'Utra, professor da Faculdade de Agronomia de Cruz das Almas (Bahia), em 1882 (Sediyama et al., 2015).

A soja é uma das quatro principais culturas básicas (Torres et al., 2023), e a espécie oleaginosa mais importante do mundo, além de ser também uma grande fonte de proteína animal (Arnold, 2021). Assim, o grão de soja é considerado rico em proteínas, cujos teores podem variar entre 30 e 53%, já o da porcentagem de óleo na semente de soja pode variar de 13 a 28%. Essas características da planta de soja fazem desta cultura, uma importante matéria-prima e possibilita seu emprego como adubo verde e forrageiro para nutrição animal (Sediyama et al., 2015). O óleo extraído do seu grão e o próprio grão são utilizados na alimentação humana (Baer et al., 2021), produção de biodiesel (Rial et al., 2020), lubrificante (Zhu et al., 2023) e outras finalidades. O farelo é importante tanto na alimentação humana e animal, quanto na produção de produtos químicos (Lemos et al., 2017).

Dentre os óleos vegetais mais produzidos globalmente o óleo de soja ocupa a segunda posição com a produção de 61, 91 milhões de toneladas na

safra 2023/2024, perdendo apenas para o óleo de palma que lidera a classificação mundial com 79, 46 milhões de toneladas produzidas na mesma safra (USDA, 2024b). No Brasil, a soja é considerada a principal oleaginosa, com um sistema produtivo tradicionalmente instalado e uma cadeia produtiva extremamente organizada, a soja é apontada como a mais eficiente para o fornecimento do óleo como coproduto da oleaginosa (Santos et al., 2022).

A produção de soja limita-se a praticamente três países: Brasil, Estados Unidos e Argentina que, juntos, são responsáveis por cerca de 80% da soja consumida globalmente. O Brasil e a China ocupam atualmente a posição de principal produtor e importador mundial de soja respectivamente (USDA, 2024c). A redução de fatores limitantes, como a ocorrência de doenças, está relacionada com o aumento da produção de soja (Bandara et al., 2020). As principais doenças nos dez principais países produtores de soja no mundo são: Nematóide de cisto da soja, síndrome da morte súbita, decomposição de sementes por *Phomopsis*, mancha foliar de *Cercospora*, vírus do mosaico da soja, vírus do mosaico amarelo do feijão, vírus do mosaico da alfafa. Levando em consideração apenas o Brasil, as doenças de maior ocorrência nas regiões produtoras de soja são: Ferrugem da soja, decomposição de sementes por *Phomopsis*, mancha foliar de *Cercospora*, nematóide de cisto da soja e podridão do carvão (Lin et al., 2022).

2.2 Podridão do carvão

2.2.1 Agente causal

Macrophomina phaseolina (Tassi) Goid. pertencente a família Botryosphaeriaceae e filo Ascomycota (Mycobank, 2024) foi durante muito tempo a única espécie descrita como o agente causal da podridão do carvão em diversas espécies economicamente importantes (Sediyama et al., 2015), no entanto, estudos recentes revelaram a existência de mais quatro novas espécies de *Macrophomina*: *M. pseudophaseolina* (Sarr et al., 2014), *M. euphorbiicola* (Machado et al., 2019), *M. vacina* (Zhao et al., 2019) e *M. tecta* (Poudel et al. 2021).

O fungo *M. phaseolina* está distribuído no solo e pode infectar mais de 380 espécies de plantas (USDA, 2024a). *Macrophomina phaseolina* é caracterizado por hifas hialinas com paredes finas a hifas marrom-claras ou marrom-escuras com septos. Os ramos das hifas principais são na sua maioria formados em ângulo reto nas hifas parentais, com constrição no ponto de origem. Os microescleródios, uma massa compacta de micélio fúngico endurecido, são esféricos, ovais ou oblongos, castanhos claros na fase jovem, tornando-se mais castanhos a pretos com o envelhecimento. Os picnídios, dificilmente observados em condições naturais, são maiores que os microescleródios, marrom-escuros a pretos, ásperos, globosos ou irregulares, com bico e ostiolados (Lakhran et al., 2018).

O microescleródio é a principal fonte infecciosa de *M. phaseolina*. Essa estrutura de resistência é capaz de sobreviver até 15 anos no solo (Gupta et al., 2012). Pode infectar as raízes da planta hospedeira na fase de muda por meio de múltiplas hifas em germinação. Quando estão nas raízes, o patógeno afeta o sistema vascular, interrompendo o transporte de água e nutrientes para a parte superior das plantas (Marquez et al., 2021). Sob temperaturas altas (30 -35°C) e baixa umidade do solo, *M. phaseolina* pode levar a perdas substanciais de rendimentos em diversas culturas impactando negativamente a renda de agricultores (Kaur et al., 2012).

No Senegal, Sarr et al. (2014) identificaram por meio de estudos filogenéticos, a espécie *M. pseudophaseolina* causando podridão do carvão em quiabo (*Abelmoschus esculentus*), amendoim (*Arachis hypogaea*), hibisco (*Hibiscus sabdarifa*) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata*). No Brasil, *M. pseudophaseolina* foi relatada em amendoim (*A. hypogaea*), algodão (*Gossypium hirsutum* L.), mamona (*Ricinus communis* L.), pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) (Machado et al., 2019), mandioca (*Manihot esculenta* C.) (Brito et al., 2019), e também em raízes de duas espécies de plantas daninhas, *Trianthema portulacastrum* L. e *Boerhavia diffusa* L. (Negreiros et al., 2019) e em batata-doce (*Ipomoea batatas*) (Mello et al., 2021). *M. pseudophaseolina* é bastante semelhante morfológicamente à *M. phaseolina*, no entanto, seus conídios são mais curtos (Sarr et al., 2014).

Macrophomina euphorbiicola foi descrita causando podridão do carvão em mamona (*Ricinus communis*), pinhão roxo (*Jatropha gossypifolia* L.) (Machado et al., 2019) e batata-doce (*Ipomoea batatas*) no Brasil (Mello et al., 2021). Machado et al. (2019) e Mello et al. (2021) não descreveram a estrutura morfológica dos picnídios e estruturas reprodutivas de *M. euphorbiicola* em função da ausência da esporulação da espécie.

Macrophomina vaccini foi descrita pela primeira vez causando podridão do carvão em mirtilo (*Vaccinium* spp.) na China. Essa espécie apresenta conídios mais largos e maiores picnídios do que *M. phaseolina* e *M. pseudophaseolina* (Zhao et al., 2019). Poudel et al. (2021) observaram *M. tecta* causando podridão do carvão em caules de sorgo (*Sorghum bicolor*) e feijão-mungo (*Vigna radiata*) na Austrália, informações sobre seus picnídios e estruturas reprodutivas, não foram relatados por causa da não esporulação do patógeno.

Devido a recente classificação das novas espécies de *Macrophomina*, informações sobre sua etiologia, sintomas, epidemiologia e controle são limitadas na literatura.

2.2.2 Sintomas

O fungo *M. phaseolina* é habitante do solo e pode infectar a soja em todos os estádios de desenvolvimento da planta, mas os sintomas da podridão do carvão geralmente aparecem quando a soja se aproxima da fase reprodutiva (Sediyama et al., 2015). Os primeiros sintomas são folhas menores que o tamanho normal, que se tornam cloróticas, depois ficam marrons, mas permanecem presas ao pecíolo, dando à planta inteira uma aparência amarelo-esverdeada opaca. Geralmente, estas plantas murcham e morrem (Vibha, 2016).

O patógeno ataca a planta durante todo o ciclo da cultura, causando debilitação progressiva do hospedeiro. Após a floração, desenvolve-se uma descoloração cinza clara ou prateada dos tecidos epidérmicos e subepidérmicos na raiz principal e na parte inferior do caule (Vibha, 2016). O sintoma distintivo da podridão do carvão das demais doenças em soja, é a presença da epiderme da planta solta ou facilmente destacável com numerosos pequenos pontos pretos de microescleródios (Figura 1) que são frequentemente produzidos no

xilema e na medula do caule e podem bloquear o fluxo de água (Almeida e Seixas, 2010).



Figura 1: Sintomas de *Macrophomina phaseolina* em raiz de soja. Fonte: Panisson, F.T. 2019.

2.2.3 Controle

Para o controle da podridão do carvão, uma das estratégias que pode ser utilizada é a irrigação durante todo o ciclo da cultura para diminuir a colonização das raízes da soja por *M. phaseolina*, entretanto, a colonização do sistema radicular ainda acontece em soja irrigada (Smith et al., 2014). Mengistu et al. (2011) observaram que a perda de rendimento devido à podridão do carvão em soja variou de 6 a 33% em ambientes irrigados.

Outra estratégia de controle é o plantio direto que mantém restos de cultura sobre o solo, reduz a erosão e melhora propriedades físicas, químicas e biológicas do solo (Medeiros et al., 2017). Mengistu et al. (2009) ao avaliarem os efeitos dos sistemas de cultivo em áreas de soja, observaram maior densidade de microescleródios em áreas que utilizaram o sistema convencional de plantio do que sistema de plantio direto. No entanto, o acúmulo da palhada pode favorecer a manutenção do inóculo no local e o surgimento de outras doenças tornando-se uma estratégia de manejo limitada da doença (Medeiros et al., 2017).

A rotação de culturas constitui-se em uma alternativa contestável já que *M. phaseolina* é um fungo polígafa, que sobrevive e se multiplica em restos culturais (Almeida et al., 2014). Entretanto, Luna et al. (2017) afirmam que a cultura da soja rotacionada a longo prazo, incluindo não hospedeiros de *M. phaseolina*, pode auxiliar na redução do patógeno em áreas de cultivo.

O uso de cultivares resistentes é um método ecologicamente correto, viável e econômico para o manejo de doenças de plantas (Basandrai et al., 2021). Atualmente nenhum genótipo de soja com altos níveis de resistência foi identificado (Bellaloui et al., 2023). Entretanto, a resistência parcial à podridão do carvão já foi identificada em genótipos de soja, que podem ser utilizados em programas de melhoramento genético para obtenção de cultivares que resistam pelo menos parcialmente, a ação desse patógeno (Paris et al., 2006; Mengistu et al., 2007; Mengistu et al., 2013; Pawlowski, et al., 2015).

2.3 Melhoramento genético por hibridação

Hibridação é a junção de gametas diferentes geneticamente, que resulta em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais loci (Borém et al., 2021). A hibridação tem sido utilizada nos programas de melhoramento da maioria das espécies cultivadas para promover o surgimento da variabilidade genética em populações. Após a hibridação, ocorre a seleção dos genótipos que possuam características de interesse na população segregante utilizando-se do método de melhoramento adequado (Nass et al., 2001).

Na hibridação de espécies autógamas, os genitores são cruzados artificialmente. No caso da soja, inicialmente ocorre a seleção das flores que serão emasculadas e utilizadas como genitores femininos e das flores doadoras de pólen que serão utilizadas como genitores masculinos. O processo de emasculação consiste na retirada do androceu (filetes e anteras) das flores, cujo procedimento é necessário pelo mecanismo de cleistogamia característico em soja, em que a fecundação do estigma ocorre antes da exposição e abertura das pétalas, sendo importante determinar o momento certo para realizar a emasculação para evitar a autofecundação. Em seguida, é realizada a coleta do pólen do genitor paterno e realizada a polinização, que consiste na deposição do pólen sobre o estigma do genitor materno, através de agulhas ou pinças (Barbosa et al., 2020).

Quando o método da hibridação é utilizado para o desenvolvimento de novas cultivares, a população pode ser obtida por meio de cruzamentos simples, triplos, duplos, retrocruzamentos e cruzamentos complexos. As populações obtidas por cruzamentos simples são as mais utilizadas nos programas de

melhoramento e envolvem o cruzamento de dois genitores (Veiga e Queiróz, 2015).

A escolha dos genitores é de fundamental importância para o sucesso de um programa de melhoramento por hibridação. Além de suas características próprias é interessante, também, conhecer a capacidade combinatória dos genótipos a serem empregados. Define-se a capacidade combinatória como a capacidade que tem um genótipo de produzir híbridos superiores (Bueno, 2001). Os cruzamentos dialélicos podem ser utilizados para avaliar a capacidade de combinação de genitores potenciais.

2.4 Análise dialélica

Delineamento genético é qualquer sistema planejado de cruzamentos estabelecidos, em que se tenha conhecimento do parentesco entre os indivíduos ou grupos de indivíduos avaliados. De acordo com os indivíduos que estão sendo estudados, os delineamentos genéticos podem ser classificados em: Teste de progênie, Delineamento I, II ou III de Comstock e Robinson (1948 e 1952), Dialelos e Análise de gerações. O dialelo é um delineamento genético em que um grupo de genitores são inter cruzados em todas as combinações possíveis, gerando híbridos que são estudados. Nos dialelos, os indivíduos estudados podem ser aparentados, irmãos completos ou meio-irmãos, ou ainda, não aparentados (Cruz, 2005).

As metodologias de análise dialélica têm como objetivo avaliar o delineamento genético, obtendo estimativas de parâmetros importantes na seleção de genitores para os cruzamentos e na compreensão dos efeitos genéticos envolvidos na determinação das características. As metodologias mais usadas são a proposta por Griffing (1956), em que são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação, a metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), em que são estudados os efeitos de variedades e heterose varietal, e a de Hayman (1954), que gera informações a respeito da herança da característica em estudo, dos valores genéticos dos genitores utilizados e do limite da seleção (Cruz et al., 2004).

Os dialelos podem ser classificados de acordo com suas características

em: Dialetos balanceados, Dialetos parciais, Dialetos circulantes, Dialetos incompletos, Dialetos desbalanceados. Os dialetos parciais envolvem a avaliação de genitores dispostos em dois grupos, pertencentes ou não a um conjunto comum, sendo as inferências feitas para cada grupo (Cruz et al., 2004). Os dialetos parciais vem sendo utilizados em várias espécies autógamas, como soja (Castro et al., 2022), feijão (Torres et al., 2021), trigo (Hanafi et al., 2022) e sorgo (Durães, et al., 2021). As metodologias de dialetos parciais para a estimação de parâmetros genéticos são: Modelos adaptados de Griffing (1956) ou de Gardnert e Eberhart (1966), de acordo com o objetivo do estudo (Cruz et al., 2004).

Para dilalelos parciais que envolvem apenas as gerações, são estudadas “pq” combinações híbridas, obtidas do cruzamento entre “p” genitores de um grupo (Grupo 1) e “q” genitores do outro grupo (Grupo 2). Adaptando o modelo proposto por Griffing (1956) para descrever as observações experimentais, tem-se a caracterização: $Y_{ij} = \mu + g_i + g'_j + s_{ij} + e_{ij}$, sendo $i = 1, 2, \dots, p$ e $j = 1, 2, \dots, q$, em que: Y_{ij} = valor médio da combinação híbrida entre o i -ésimo progenitor do grupo 1 e j -ésimo progenitor do grupo 2; μ = média geral; g_i = efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo progenitor do grupo 1; g'_j = efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo progenitor do grupo 2; s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação entre progenitores de ordem i e j , dos grupos 1 e 2, respectivamente, e e_{ij} = erro experimental médio (Cruz et al., 2004).

Para a estimação dos efeitos da capacidade combinatória, geral e específica, e de suas respectivas somas de quadrados, pode ser utilizado o método dos mínimos quadrados e as equações normais $X'X\beta = X'Y$, derivadas a partir do modelo linear $Y = X\beta + e$, em que $e \sim NID(0, I\sigma^2_e)$. No sistema $X'X\beta = X'Y$, tem-se que $X'X$ é singular, em que o número de parâmetros a serem estimados é maior ao número de equações disponíveis. Para a obtenção de estimadores únicos, com interpretações genética adequadas, e necessidade de estimabilidade de certas funções lineares paramétricas, consideram-se restrições tanto nas soluções quanto nos parâmetros. As somas de quadrados são obtidas de acordo com a solução adotada e o produto dos elementos das partições dos vetores β e $X'Y$ correspondentes aos efeitos da média e da capacidade geral e específica de combinação (Cruz et al., 2004).

3.Referências bibliográficas

Almeida AMR, Seixas CDS (2010) **Soja: doenças radiculares e de hastes e inter-relações com o manejo do solo e da cultura**. 1.ed. Londrina: Embrapa Soja, 399 p.

Almeida AMR, Seixas CDS, Farias JRB, Oliveira MCN, Franchini JC, Debiasi H, Costa JM, Gaudêncio CA (2014) ***Macrophomina phaseolina* em soja**. Londrina: Embrapa Soja, 30 p. (Embrapa Soja, Documentos, 346).

Arnold B, Menke E, Mian MAR, Song Q, Buckley B, Li Z (2021) Mining QTLs for elevated protein and other major seed composition traits from diverse soybean germplasm. **Mol Breeding** 8:41-48.

Azam G, Sarker U, Hossain A, Iqbal S, Islam R, Hossain F, Ercisli S, Kul R, Assouguem A, Huqail AAA, Mohamed HRH, Peluso I (2022) Genetic analysis in grain legumes [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] for yield improvement and identifying heterotic hybrids. **Plants** 11: 1-13.

Baer DJ, Henderson T, Gebauer S (2021) Consumption of High- Oleic Soybean Oil Improves Lipid and Lipoprotein Profile in Humans Compared to a Palm Oil Blend: A Randomized Controlled Trial. **Lipids** 56: 313-325.

Bandara AY, Weerasooriya DK, Bradley CA, Allen TW, Esker PD (2020) Dissecting the economic impact of soybean diseases in the United States over two decades. **Plos One** 20: 1-28.

Bao A, Chen H, Chen L, Chen S, Hao Q, Guo W, Qiu D, Shan Z, Yang Z, Yuan S, Zhang C, Zhang X, Liu B, Kong F, Li X, Zhou X, Tran L S P, Cao D (2019) CRISPR/ Cas9- mediated targeted mutagenesis of GmSPL9 genes alters plant architecture in soybean. **BMC Plant Biology** 19: 1- 12.

Barbosa MH, Carvalho IR, Szareski VJ, Lautenchleger F, Silva JAG, Magano DA, Sangiovo JP, Matter EM, Ferreira LL, Souza VQ (2020) Relevant aspects regarding the characteristics of the parents and progenies for artificial hybridization of soybean. **Genetics and Molecular Research** 19: 1-11.

Basandrai AK, Pandey AK, Somta P, Basandrai M (2021) *Macrophomina phaseolina*–host interface: Insights into an emerging dry root rot pathogen of mungbean and urdbean, and its mitigation strategies. **Plant Pathology** 70: 1263-1275.

Bellaloui N, Mengistu A, Smith JR, Abbas HK, Accinelli C, Shier WT (2023) Soybean seed sugars: a role in the charcoal rot resistance mechanism and potential use as biomarkers in selection. **Plants** 12: 1- 13.

Borém A, Miranda GV, Fritsche-Neto R (2021) **Melhoramento de plantas**. 8.ed. São Paulo: Oficina de Textos, 456 p.

Brito ACQ, Mello JF, Michereff SJ, Motta CMS, Machado AR (2019) First report of *Macropomina pseudophaseolina* causing stem dry rot in cassava in Brazil. **Journal of Plant Pathology** 101: 1245-1245.

Bueno LCS, Mendes ANG, Carvalho SP (2001) **Melhoramento de plantas: Princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 282 p.

Castro EM, Pinho EVRV, Nunes PSO, Santos HO, Leite ME, Lima AE (2022) Genetic control of soybean seed quality using partial diallel. **Journal of Seed Science** 44: 1-12.

Cruz C D et al. (2004) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 480 p.

Cruz CD (2005) **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 394 p.

Coser SM, Reddy RVC, Zhang J, Mueller DS, Mengistu A, Wise KA, Allen TW, Singh A, Singh AK (2017) Genetic architecture of charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) resistance in soybean revealed using a diverse panel. **Frontiers in Plant Science** 8: 1-8.

Durães>NNL, Nunes JAR, Bruzi AT, Lombardi GMR, Fagundes TG, Parella>NNLD, Schaffert RE, Parrella RAC (2021) Heterosis for ethanol yield and yield components in sweet sorghum. **Sugar Tech** 23: 360-368.

Gazzoni DL, Dall'agnol A (2018) **A saga da soja: de 1050 a.C. a 2050 d.C.** 1. ed. Brasília: Embrapa, 202 p.

Gupta GK, Sharma SK, Ramteke R (2012). Biology, epidemiology and management of the pathogenic fungus *Macrophomina phaseolina* (Tassi) goid with special reference to charcoal rot of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Journal of Phytopathology** 160: 167–180.

Hanafi S, Cherkaoui S, Kehel Z, Sanchez-Garcia M, Sarazin JB, Baenziger S, Tadesse W (2022) Hybrid seed set in relation with male floral traits, estimation of heterosis and combining abilities for yield and its components in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Plants**, v.11, n.508, p.1-19.

Kaur S, Dhillon GS, Brar SK, Vallad GE, Chand R, Chauhan VB (2012). Biology, economic importance and current diagnostic trends. **Critical Reviews Microbiology** 38: 136–151.

Kundua BC, Mohsinb GM, Rahmanc MS, Ahamedc F, Mahatod AK, Hossaine KMD, Jallohf MB, Alamg A (2024) Combining ability analysis in bitter melon (*Momordica charantia* L.) for potential quality improvement. **Brazilian Journal of Biology** 84: 1-15.

Lakhran L, Ahir RR, Choudhary M, Choudhary S (2018). Isolation, purification, identification and pathogenicity of *Macrophomina phaseolina* (Tassi) goid caused

dry root rot of chickpea. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry** 7: 3314–3317.

Lemos MLF, Guimaraes DD, Maia GBS, Amaral GF (2017) Agregação de valor na cadeia da soja. **BNDES Setorial** 46: 167-217.

Lin F, Chhapekar SS, Vieira CC, Silva MP, Rojas A, Lee D, Liu N, Pardo EM, Lee YC, Dong Z, Pinheiro JB, Ploper LD, Rupe J, Chen P, Wang D, Nguyen HT (2022) Breeding for disease resistance in soybean: a global perspective. **Theoretical and Applied Genetics** 135: 3773- 3872.

Luna MPR, Mueller D, Mengistu A, Singh AK, Hartman GL, Wise Kiersten (2017) Advancing our understanding of charcoal rot in soybeans. **Journal of Integrated Pest Management** 8: 1-8.

Machado AR, Pinho DB, Soares DJ, Gomes AAM, Pereira OL (2019) Bayesian analyses of five gene regions reveal a new phylogenetic species of *Macrophomina* associated with charcoal rot on oilseed crops in Brazil. **European Journal of Plant Pathology** 153: 89-100.

Marquez N, Giachero ML, Declerck S, Ducasse D (2021) *Macrophomina phaseolina*: General characteristics of pathogenicity and methods of control. **Frontiers in Plant Science** 12: 1-16.

Manun A, Rafi M, Misran AB, Berahim Z, Ahmad Z, Khan MH, Oladosu Y (2022) Combining ability and gene action for yield improvement in kenaf (*Hibiscus cannabinus* L.) under tropical conditions through diallel mating design. **Scientific Reports** 12: 1-22.

Medeiros FHV, Pedroso LA, Guimarães MRF, Silva BAAS, Almeida LGF, Silva FJ, Silva RLM, Ferreira LC, Pereira AKM, Couto TBR, Gomes VA, Medeiros RM, Veiga CMO, Silva MF, Figueiredo YF, Gatti GVN, Nicolli CP (2017) **Novos sistemas de produção**. Lavras: UFLA, 162 p.

Mello JF, Brito ACQ, Vieira JCB, Câmara MPS, Michereff SJ, Motta CMS, Machado AR (2021) Identification and pathogenicity of Botryosphaeriaceae species associated with root and stem rot of sweet potato in Brazil. **Plant Pathology** 70: 1601-1615.

Mengistu A, Ray J D, Smith J R, Paris R L (2007) Charcoal rot disease assessment of soybean genotypes using a colony forming unit index. **Crop Science** 47: 2453-2461.

Mengistu A, Reddy KN, Zablotowicz RM, Wrather AJ (2009) Propagule densities of *Macrophomina phaseolina* in soybean tissue and soil as affected by tillage, cover crop and herbicide. **Plant Health Progress** 10: 1-11.

Mengistu A, Smith JR, Ray JD, Bellaloui (2011) Seasonal progresso f charcoal rot and its impact soybean productivity. **Plant Disease** 95: 1159- 1166.

Mengistu A, Arelli P, Bond J, Nelson R, Rupe J, Shannon G, Wrather A (2013) Identification of soybean accessions resistant to *Macrophomina phaseolina* by field screening and laboratory validation. **Plant Health Progress** 14: 1-20.

MYCOBANK. **MYCOBANK Database.** Disponível em: <<https://www.mycobank.org/page/Name%20details%20page/35415>>. Acesso em: 26 Jan.2024.

Nass LL et al. (2001) **Recursos genéticos e melhoramento – plantas.** Rondonópolis: Fundação MT, 1183 p.

Negreiros AMP, Sales Júnior R, León M, Melo NJA, Michereff SJ, Ambrósio MMQ (2019) Identification and pathogenicity of *Macrophomina* species collected from weeds in melon fields Brazil. **Journal of Phytopathology** 167: 326-337.

Oliveira Neto SS, Gonçalves ASF (2019) Environmental factors, phenology and nutrition: a technical review on the impacts in soybean culture. **Scientific Electronic Archives** 12: 1-10.

Panisson FT (2019) **Comparação de métodos de fenotipagem em soja e variabilidade genética de *Macrophomina phaseolina*.** 92f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)- UPF, Passo Fundo.

Paris RL, Mengistu A, Tyler JM, Smith JR (2006) Registration of soybean germplasm line DT97-4290 with moderate resistance to charcoal rot. **Crop Science** 46: 2324-2325.

Pawlowski ML; Hill CB, Hartman GL (2015) Resistance to charcoal rot identified in ancestral soybean germplasm. **Crop Science** 55: 1230-1235.

Poudel B, Shivas RG, Adorada DL, Barbetti MJ, Bithell SL, Kelly LA, Moore N, Sparks AH, Tan YP, Thomas G, Leur JV, Vaghefi N (2021) Hidden diversity of *Macrophomina* associated with broadacre and horticultural crops in Australia. **European Journal of Plant Pathology** 161: 1-23.

Rial RC, Freitas ON, Nazario CED, Viana LH (2020) Biodiesel from soybean oil using Porcine pancreas lipase immobilized on a new support: p-nitrobenzyl cellulose xanthate. **Renewable Energy** 149: 970-979.

Santos AC, Ferreira PM, Lopes CL, Braga M, Viana NM (2022) **Estudo prospectivo de óleos vegetais: o caso da Embrapa Agroenergia.** Brasília: Embrapa Agroenergia, 107 p. (Embrapa Agroenergia, Documentos, 41).

Sarr MP, Ndiaye MB, Groenewald JZ, Crous PW (2014) Genetic diversity in *Macrophomina phaseolina*, the causal agent of charcoal rot. **Phytopathologia Mediterranea** 53: 250-268.

Sediyama T, Silva F, Borém A (2015) **Soja: do plantio à colheita.** Viçosa: Editora UFV, 333 p.

Silva MP, Pereira A, Rupe JC, Bluhm BH, Gbur EE, Wood L, Mozzoni LA, Chen P (2019) Effectiveness of a seed plate assay for evaluating charcoal rot resistance in soybean and the relationship to field performance. **Plant Disease** 103: 1947- 1953.

Smith D, Marty C, Dorrance A, Hughes T, Mueller D, Niblack T, Wise K (2014) Charcoal rot management in the north central region. Madison: University of Wisconsin: Cooperative Extension Service, 8p. (Extension bulletin, A4037).

Torres MHRM, Souza TLPO, Melo LC, Pereira HS (2021) Combining ability for resistance to Fusarium wilt and yield in black bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 56: 1-9.

Torres P, Ortonia S, Obadias X, Kesoju SR (2023) Effect of terminal bud cutting on the growth and productivity of soybean cultivars in the Pacific Northwest. **Agrosyst Geosci Environ** 6: 1-9.

USDA. **Fungal Databases - Fungus-Host By Country (2024)**. Disponível em: < <https://fungi.ars.usda.gov/>>. Acesso em 26 Jan. 2024a.

USDA. **Oilseeds: World Markets and Trade (2024)**. Disponível em: < <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/oilseeds.pdf>>. Acesso em: 25 Jan.2024b.

USDA. **World Agricultural Production (2024)**. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 20 Jan.2024c.

Veiga RFA, Queiróz MA (2015) **Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil**. 1.ed.Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 732p.

Vibha (2016) *Macrophomina phaseolina*: the most destructive soybean fungal pathogen of global concern. In.: Kumar P, Gupta VK, Tiwari AK, Kamle M (Eds.) **Current Trends in Plant Disease Diagnostics and Management Practices**. Springer International Publishing Switzerland, p.193- 205.

Zhao L, Cai J, He W, Zhang Y (2019) *Macrophomina vaccinii* sp.nov.causing blueberry stem blight in China. **MycoKeys** 55: 1-14.

Zhu Q, Chen X, Gu H, Yun Z (2023) Two approaches for bio-lubricant production from soybean oil with organosilicon. **Sustainable Chemistry and Pharmacy** 31: 456- 466.

CAPÍTULO 2 – Introgressão de germoplasma exótico para obtenção de linhagens de soja tropical resistentes à *Macrophomina* spp.

RESUMO A podridão do carvão é uma doença radicular que ocorre em soja. O uso de cultivares resistentes é um excelente meio para o manejo de doenças de plantas. Dentre os métodos para avaliação de genitores, destacam-se os cruzamentos dialélicos que fornecem informações sobre a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). O objetivo do estudo consistiu em estimar os efeitos da CGC e CEC de genitores de soja, bem como selecionar populações segregantes de soja portadoras de resistência à podridão do carvão. As populações foram obtidas por cruzamentos dialélicos parciais e avaliadas durante três anos agrícolas na área experimental da “FEPE” (Jaboticabal, Brasil). Foram avaliados os caracteres altura da planta no florescimento (APF), altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), valor agrônômico (VA) e produção de grãos (PG). A análise dialélica indicou predominância dos efeitos aditivos para os caracteres. As estimativas de CGC relevaram que os genitores PI 594302 e VMAX RR se destacaram quanto a CGC para APF, APM, AIV, VA e PG. A população PI 594302 x VMAX RR é promissora para a extração de progênies superiores para APF, VA e PG e as populações PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX RR são promissoras para a extração de progênies superiores para APM e AIV.

Palavras-chave: Cruzamentos dialélicos, *Glycine max*, *Macrophomina phaseolina*, melhoramento de plantas, resistência a doenças.

CHAPTER 2 – Introgression of exotic germplasm to obtain tropical soybean lines resistant to *Macrophomina* spp.

ABSTRACT Charcoal rot is a root disease that occurs in soybeans. The use of resistant cultivars is an excellent means of managing plant diseases. Among the methods for evaluating parents, diallel crosses stand out, which provide information on general (CGC) and specific combining capacity (CEC). The objective of the study was to estimate the effects of CGC and CEC of soybean parents, as well as select segregating soybean populations carrying resistance to charcoal rot. The populations were obtained by partial diallel crosses and evaluated during three agricultural years in the “FEPE” experimental area - (Jaboticabal, Brazil). The characters plant height at flowering (APF), plant height at maturity (APM), first pod insertion height (AIV), agronomic value (VA) and grain production (PG) were evaluated. Diallel analysis indicated a predominance of additive effects for the characters. The CGC estimates revealed that the parents PI 594302 and VMAX RR stood out in terms of CGC for APF, APM, AIV, VA and PG. The population PI 594302 x VMAX RR is promising for the extraction of superior progenies for APF, VA and PG and the populations PI 594302 x BMX APOLO RR and PI 567562 A x VMAX RR are promising for the extraction of superior progenies for APM and AIV.

Keywords: Diallel crosses, *Glycine max*, *Macrophomina phaseolina*, plant breeding, disease resistance.

1.Introdução

A soja é uma das culturas mais importantes e cultivadas no mundo (Siqueira Neto et al. 2021). Devido ao alto teor de proteína, constitui-se em uma cultura estratégica para a segurança alimentar tanto humana quanto animal (Conjin et al., 2018). Além disso, esta cultura é um componente chave em muitos processos industriais, como a produção de lubrificantes, cosméticos e biodiesel (Cao et al., 2018). Atualmente, o Brasil é o principal país produtor de soja no mundo, sendo cultivada uma área de aproximadamente 45 milhões de hectares no ano agrícola 2023/2024, em que foram produzidas 162 milhões de toneladas do grão, representando produtividade média de 3.586 kg/ha (CONAB, 2024).

Problemas fitossanitários como a podridão do carvão, doença radicular causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* (Tassi.) Goid ocorre em todas as regiões de cultivo de soja no mundo. Esta doença particularmente é considerada uma doença economicamente grave e destrutiva, responsável por perdas substanciais no rendimento da cultura (Ishikawaia et al. 2018; Spagnoletti et al.2020; Al-Ahmadi et al. 2021). O manejo dessa doença é um desafio, já que o controle da irrigação tem efeito limitado contra esse patógeno (Khalil et al.2019) e a rotação de culturas também não tem sido eficaz, pois o fungo *M. phaseolina* é polígafa e infecta uma ampla gama de hospedeiros. Além disso, ocorre a alta persistência de estruturas de resistência do patógeno no solo, denominados de microescleródios (Jordaan et al., 2019).

O uso de cultivares resistentes é um método ecologicamente correto, viável e econômico para o manejo de doenças de plantas (Basandrai et al.,2021). Atualmente não existem cultivares comerciais de soja resistentes à podridão do carvão disponíveis no mercado (Bellaloui et al., 2023), no entanto, pesquisas já apontam genótipos de soja com bons níveis de resistência e que podem ser inseridos em programas de melhoramento visando à obtenção de cultivares que resistam parcialmente a ação desse fitopatógeno (Paris et al., 2006; Mengistu et al., 2007; Mengistu et al., 2013; Pawlowski,et al., 2015).

Além da resistência à doenças, uma nova cultivar superior, deve atender às necessidades do mercado e assim deve apresentar um conjunto de caracteres agronômicos desejáveis, de modo a atender aos padrões comerciais e agrícolas da cultura (Borém et al., 2021).

Em programas de melhoramento visando à obtenção de genótipos superiores, a avaliação das melhores combinações híbridas é uma etapa essencial, uma vez que as populações segregantes devem possuir máxima variabilidade genética e alto potencial de extração de linhagens superiores durante o processo de seleção (Soares et al., 2023). Dentre os métodos baseados em modelos biométricos para a avaliação das populações segregantes, destacam-se os cruzamentos dialélicos (Teodoro et al., 2019). Este esquema de cruzamento possibilita ampla recombinação de alelos favoráveis de diferentes genitores, o que aumenta a probabilidade de ocorrência de genótipos superiores para a característica alvo nas populações segregantes (Ferreira et al., 2018). Além disso, a análise dialélica fornece informações sobre o comportamento dos genitores, denominado de capacidade geral de combinação (CGC), e das suas combinações híbridas, denominada de capacidade específica de combinação (CEC) (Cruz et al., 2012).

A CGC é atribuída a genes aditivos, enquanto a CEC está relacionada a genes não aditivos, o que caracteriza a diferença das combinações híbridas em relação ao comportamento médio do genitor (Cruz et al., 2012). Logo, esses parâmetros permitem compreender o controle genético dos caracteres avaliados, o que auxilia na condução e seleção das populações segregantes (Gerhardt, 2019). Dentre os diversos tipos de dialelos, destacam-se os dialelos parciais, que têm sido utilizados em estudos com um menor número de genitores e combinações híbridas em relação a outros tipos de dialelos. O dialelo parcial envolve a avaliação de dois grupos de genitores e seus respectivos cruzamentos e tem por finalidade combinar características favoráveis que se encontram nos grupos distintos dos pais, quando as combinações dentro desses grupos não são interessantes (Cruz et al., 2012).

Apesar da importância da podridão do carvão, não há estudos sobre a capacidade de combinação de genitores na cultura da soja para seleção de

genótipos superiores resistentes ao fungo *M. phaseolina*. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi estimar a capacidade geral e específica de genitores de soja, bem como selecionar populações segregantes de soja portadoras de resistência à podridão do carvão.

2. Material e Métodos

2.1 Material vegetal

Os genitores utilizados neste estudo incluíram dois genótipos exóticos (PI 594302 e PI 567562 A) parcialmente resistentes à podridão do carvão e três cultivares brasileiras (BRS 282, VMAX RR e BMX APOLO RR) portadoras de caracteres agronômicos de interesse e consideradas suscetíveis para a resistência a *Macrophomina phaseolina*. Os acessos PI 594302 e PI 567562 A, que possuem origem do Japão e China respectivamente, foram fornecidos pelo Banco de Germoplasma da Embrapa Soja, por meio de Acordo de Cooperação Científica entre as Instituições. Esses genótipos foram identificados com maiores níveis de resistência a *M. phaseolina* (Mengistu et al., 2013). A cultivar BRS 282 possui altura média de 100 cm, ciclo médio de 130 a 142 dias, hábito de crescimento determinado, flor branca, pubescência cinza, pertence ao grupo de maturidade relativa (GMR) 6.9 e é resistente ao cancro da haste e aos nematóides de galha *Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*. A VMAX RR apresenta altura de aproximadamente 110 cm, ciclo médio de 126 dias, hábito de crescimento indeterminado, flor branca, pubescência cinza, pertence ao grupo de maturidade relativa (GMR) 6.2 e é resistente ao acamamento, cancro da haste, mancha olhode rã, *Phytophthora* e aos nematoides de cisto *Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*. A BMX APOLO RR possui altura de aproximadamente 60 cm, ciclo médio de 126 dias, hábito de crescimento indeterminado, flor branca, pubescência cinza, GMR 5.5 e resistência ao acamamento, cancro da haste e pústula bacteriana.

Os genitores e a cultivar MONSOY 5947 IPRO foram utilizados como testemunhas para os genótipos testados neste estudo. Os cruzamentos foram realizados em dialelo parcial, sendo o primeiro grupo de genitores (GI) composto por genótipos com resistência parcial e o segundo grupo (GII) por

cultivares brasileiras (Tabela 1).

Tabela 1. Genitores combinados em arranjo dialélico parcial para desenvolver populações segregantes de soja portadoras de resistência à podridão do carvão para caracteres agrônômicos de interesse.

Genitor	Origem	Resistência a <i>Macrophomina phaseolina</i>	Grupo de maturidade relativa (GM)
Grupo I (GI)			
PI 567562 A	China	Moderadamente resistente	3,0
PI 594302	Japão	Moderadamente resistente	0,0
Grupo II (GII)			
BMX APOLO RR	Brasil	Suscetível	5,5
BRS 282	Brasil	Suscetível	6,9
VMAX RR	Brasil	Suscetível	6,2

Os cruzamentos em arranjo dialélico parcial originaram as seguintes populações: PI 567562 A x BMX APOLO RR, PI 567562 A x BRS 282, PI 567562 A x VMAX RR, PI 594302 x BMX APOLO RR, PI 594302 x BRS 282, PI 594302 x VMAX RR.

2.2 Condução experimental

As populações obtidas dos cruzamentos avançaram da geração F_1 para a F_2 em casa de vegetação no Departamento de Ciências da Produção Agrícola, Setor de Produção Vegetal, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (UNESP/FCAV), localizada em Jaboticabal, Estado de São Paulo, Brasil. Nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ as populações foram conduzidas pelo método genealógico modificado (Borém et al., 2021), em que cada planta originou uma nova linha no campo e a seleção foi realizada entre e dentro das famílias, essas populações foram avaliadas na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (21° 15'22 "S e 48° 18'58 "W, a 605 m de altitude) pertencente a UNESP/FCAV durante os anos de 2019/2020, 2020/2021 e 2021/2022 respectivamente.

Os experimentos de campo foram conduzidos por meio do delineamento de blocos aumentados de Federer (Federer, 1956). No ano de 2019/2020 foram avaliadas 128 progênies, além das testemunhas PI 594302, PI 567562A, BRS 282, VMAX RR e BMX APOLO RR. Cada parcela experimental de cada genótipo avaliado foi constituída por uma linha de 3 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas e densidade de semeadura de 15 sementes por metro.

No ano de 2020/2021 foram avaliadas 363 progênies e no ano de 2021/2022 foram avaliadas 307 progênies, além das testemunhas PI 567562 A, VMAX RR, BMX APOLO RR e MONSOY 5947 IPRO. Cada parcela experimental de cada genótipo avaliado foi constituída por uma linha de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas e densidade de semeadura de 15 sementes por metro. A adubação, manejo, tratos culturais e controle fitossanitário foram realizados conforme indicação para a cultura da soja (Martin et al., 2022).

As características agronômicas avaliadas foram: altura da planta no florescimento em centímetros (APF), altura da planta na maturidade em centímetros (APM), altura de inserção da primeira vagem em centímetros (AIV), valor agronômico em notas visuais de 1 a 5 (VA) e produção de grãos em gramas planta⁻¹ (g/planta) (PG). O valor agronômico foi avaliado com uma escala de classificação visual variando de 1 (plantas com características agronômicas ruins) a 5 (plantas com excelentes características agronômicas). Os caracteres agronômicos foram avaliados em 10 plantas individuais dentro de cada parcela no ano 2019/2020 e cinco plantas individuais nos anos de 2020/2021 e 2021/2022 dentro de cada parcela experimental.

2.3 Análises estatísticas

Inicialmente foi verificada a normalidade dos resíduos pelo teste de Shapiro-Wilk e a homogeneidade das variâncias pelo teste de Levene. Em seguida, foram realizadas análises de variância individuais dos dados para cada característica em cada ano/geração. O coeficiente de variação também foi estimado.

As análises dialélicas para cada ano/geração foram realizadas utilizando o modelo proposto por Griffing (1956), sendo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g'_j + S_{ij} + e_{ij}$$

$$i = 1, 2, \dots, p \text{ e } j = 1, 2, \dots, q$$

em que:

Y_{ij} = valor médio da combinação híbrida entre o i -ésimo progenitor do grupo 1 e j -ésimo progenitor do grupo 2;

μ = média geral;

g_i = efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo progenitor do grupo 1;

g'_j = efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo progenitor do grupo 2;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação entre progenitores de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente, e

e_{ij} = erro experimental médio.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa R (R CORE TEAM, 2021).

3.Resultados

Para as características avaliadas, as estimativas de coeficiente de variação experimental (CVe) variaram de 8,1% a 14,5% para altura da planta no florescimento, de 6,5% a 11,0% para altura da planta na maturidade, de 12,0% a 14,3% para altura da inserção da primeira vagem, de 9,8% a 10,8% para valor agrônomo e de 15,5% a 22,7% para produção de grãos. Esses valores de estimativas indicam boa precisão experimental para todos os caracteres (Tabela 1).

Foram detectadas diferenças significativas (1%) entre as populações para todos os caracteres, em todas as gerações avaliadas (Tabela 2), confirmando a existência de variabilidade entre as populações. As médias (Tabela 2) de altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agrônomo e produção de grãos apresentaram variação entre as gerações, de 19,69 cm a 43,56 cm, de 45,16 cm a 70,62 cm, de 8,20 cm a 14,93 cm, 1,79 a 2,53 e 20,89 g a 25,75 g, respectivamente, confirmando que esses caracteres foram altamente influenciados pelas gerações, indicando que ocorreram condições ambientais distintas nos anos agrícolas.

Tabela 1. Resumo das análises de variâncias das gerações F_{2:3}(2019/2020), F_{2:4} (2020/2021) e F_{2:5}(2021/2022) para altura da planta no florescimento (APF), altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), valor agrônomo (VA) e produção de grãos (PG) na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP.

F_{2:3} (2019/2020)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Bloco	2	63,36*	7003,81*	147,26*	6,18*	3042,51*
Planta	1244	20,23*	186,64*	10,10*	0,42*	177,12*
Resíduo	8	3,15	25,89	1,00	0,07	26,07
Cve(%) ²		9,06	11,00	12,02	10,88	21,97
F_{2:4} (2020/2021)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Bloco	5	4343,87*	11694,34*	926,55*	3,37*	3262,43*
Planta	2181	56,58*	120,05*	14,93*	0,23*	155,71*
Resíduo	15	12,47	18,06	2,21	0,03	17,11
Cve(%) ²		8,11	6,85	14,31	10,01	15,56
F_{2:5} (2021/2022)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Bloco	5	5403,94*	8470,36*	361,06*	12,28*	1904,12*
Planta	1538	106,00*	171,26*	21,88*	0,35*	133,13*
Resíduo	15	35,38	22,14	3,69	0,06	22,33
Cve(%) ²		14,57	6,58	12,37	9,84	22,73

¹ Graus de Liberdade

² Coeficiente de Variação Experimental

*Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Houve significância dos quadrados médios de CGC dos grupos I e II e para os quadrados médios de CEC para todos os caracteres avaliados em todas as gerações (Tabela 2). Esses resultados indicam a existência da ação gênica aditiva e não aditiva para todas as características avaliadas. Contudo, as análises dialélicas (Tabela 2) demonstraram que a variância aditiva, expressa pelo quadrado médio da CGC, foi comparativamente maior que a variância não aditiva expressa pelo quadrado médio da CEC para todos os caracteres em todas as gerações, com exceção da característica valor agrônomo na geração F_{2:5} (2021/ 2022).

Para o caráter altura da planta no florescimento, o maior efeito positivo da CGC (Tabela 3) foi exibido, no grupo I, pelo genótipo PI 594302, em todas as gerações, ou seja, esse genótipo apresenta alelos que contribuíram para o aumento da altura da planta no florescimento nos cruzamentos nos quais ele pertenceu. Dentre os genótipos do grupo II, destacaram-se a cultivar VMAX RR que apresentou elevado efeito positivo de CGC (Tabela 3) nas gerações F_{2:3} (2019/2020) e F_{2:4} (2020/2021), e a cultivar BRS 282 nas gerações F_{2:4} (2020/2021) e F_{2:5} (2021/2022).

Tabela 2. Resumo das análises dialélicas das gerações F_{2:3}(2019/2020), F_{2:4}(2020/2021) e F_{2:5}(2021/2022) para altura da planta no florescimento (APF), altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), valor agrônômico (VA) e produção de grãos (PG) .

F_{2:3} (2019/2020)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Tratamentos	5	508,07*	19320,08*	419,90*	23,61*	7725,05*
CGC I	1	1155,55*	4501,66*	373,03*	72,33*	35037,36*
CGC II	2	388,12*	39909,44*	805,15*	13,95*	684,74*
CEC	2	304,28*	6139,93*	58,09*	8,90*	1109,22*
Resíduo	1233	0,09	0,55	0,04	0,00	0,79
Média geral		19,69	45,16	8,20	2,53	23,14
F_{2:4} (2020/2021)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Tratamentos	5	1110,20*	7255,37*	825,39*	8,96*	4946,89*
CGC I	1	1697,48*	5476,11*	1481,51*	3,22*	22545,98*
CGC II	2	1656,21*	10510,97*	739,36*	17,58*	9,88*
CEC	2	270,56*	4889,42*	583,35*	3,22*	1084,36*
Resíduo	2171	0,15	0,30	0,03	0,00	0,42
Média geral		43,56	60,54	9,96	1,79	25,75
F_{2:5} (2021/2022)						
Fonte de variação	GL¹	Quadrado médio				
		APF	APM	AIV	VA	PG
Tratamentos	5	5949,50*	1449,22*	468,72*	2,98*	1938,31*
CGC I	1	8207,70*	616,34*	1618,46*	0,04*	1153,51*
CGC II	2	9939,60*	1443,40*	73,95*	3,48*	2785,73*
CEC	2	830,30*	1871,49*	288,62*	3,97*	1483,29*
Resíduo	1528	0,40	0,80	0,10	0,00	0,59
Média geral		40,74	70,62	14,93	2,53	20,89

¹ Graus de Liberdade

*1 Graus de Liberdade

CGC I: Capacidade geral de combinação do grupo I. CGC II: Capacidade geral de combinação do grupo II. CEC: Capacidade específica de combinação. ** Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

As médias para altura da planta no florescimento das populações considerando as três gerações (Tabela 4) variaram de 17,55 para a população PI 567562 A x BMX APOLO RR na geração F_{2:3} (2019/2020) a 48,42 para a população PI 594302 x BRS 282 na geração F_{2:5} (2021/2022). Em relação aos efeitos de CEC (Tabela 4), os altos valores positivos associados a médias

superiores e com pelo menos um genitor de alta CGC foram registrados pelas populações PI 567562 A x VMAX RR, PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 594302 x BRS 282 na geração F_{2:3} (2019/2020), PI 594302 x BRS 282 e PI 594302 x VMAX RR na geração F_{2:4} (2020/2021), e as populações PI 567562 A x BRS 282 e PI 594302 x VMAX RR e na geração F_{2:5} (2021/2022).

Tabela 3. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação do grupo I (CGC I) e do grupo II (CGC II), de genitores de soja para os caracteres altura da planta no florescimento em centímetros, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agronômico e produção de grãos nas gerações F_{2:3}(2019/2020), F_{2:4}(2020/2021), F_{2:5} (2021/2022) e na análise conjunta.

Altura da planta no florescimento			
Genitores	F _{2:3} (2019/2020)	F _{2:4} (2020/2021)	F _{2:5} (2021/2022)
PI 567562 A ^a	-0,99	-0,87	-2,49
PI 594302 ^a	0,99	0,87	2,49
BMX APOLO RR ^b	-0,80	-1,69	-1,18
BRS 282 ^b	-0,31	1,19	5,23
VMAX RR ^b	1,11	0,49	-4,04
Altura da planta na maturidade			
Genitores	F _{2:3} (2019/2020)	F _{2:4} (2020/2021)	F _{2:5} (2021/2022)
PI 567562A ^a	-1,95	-1,57	-0,68
PI 594302 ^a	1,95	1,57	0,68
BMX APOLO RR ^b	2,91	0,87	0,15
BRS 282 ^b	-11,22	-4,15	-1,88
VMAX RR ^b	8,31	3,27	1,73
Altura da inserção da primeira vagem			
Genitores	F _{2:3} (2019/2020)	F _{2:4} (2020/2021)	F _{2:5} (2021/2022)
PI 567562A ^a	-0,56	-0,82	-1,10
PI 594302 ^a	0,56	0,82	1,10
BMX APOLO RR ^b	0,13	-0,44	0,00
BRS 282 ^b	-1,49	-0,70	-0,41
VMAX RR ^b	1,36	1,15	0,40
Valor agronômico			
Genitores	F _{2:3} (2019/2020)	F _{2:4} (2020/2021)	F _{2:5} (2021/2022)
PI 567562A ^a	-0,24	-0,03	0,00
PI 594302 ^a	0,24	0,03	-0,00
BMX APOLO RR ^b	-0,00	0,08	-0,08
BRS 282 ^b	-0,18	-0,17	-0,00
VMAX RR ^b	0,18	0,09	0,09
Produção de grãos			
Genitores	F _{2:3} (2019/2020)	F _{2:4} (2020/2021)	F _{2:5} (2021/2022)
PI 567562A ^a	-5,45	-3,20	0,93
PI 594302 ^a	5,45	3,20	-0,93
BMX APOLO RR ^b	-1,10	-0,08	-2,67
BRS 282 ^b	-0,36	-0,04	0,35
VMAX RR ^b	1,46	0,13	2,31

^aGenitor do grupo I; ^bGenitor do grupo II.

Para o caráter altura da planta na maturidade, o genótipo PI 594302, do grupo I, registrou o maior efeito positivo da CGC em todas as gerações avaliadas. Entre os genitores do grupo II destacaram-se a cultivar VMAX RR que apresentou elevado efeito positivo da CGC (Tabela 3) em todas as gerações, e

a cultivar BMX APOLO RR nas gerações F_{2:3} (2019/ 2020) e F_{2:5} (2021/ 2022) indicando que esses são os melhores genitores para o caráter altura da planta na maturidade.

Tabela 4. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (sij) e médias da altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agrônômico e produção de grãos para as populações nas gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:5}.

Populações	Altura da planta no florescimento (cm)					
	F _{2:3} (2019/2020)		F _{2:4} (2020/2021)		F _{2:5} (2021/2022)	
	sij	APF	sij	APF	sij	APF
PI 567562 A x BMX APOLO RR	-0,34	17,55	0,68	41,67	1,35	38,42
PI 567562 A x BRS 282	-0,65	17,73	-0,20	43,66	0,04	43,52
PI 567562 A x VMAX RR	1,01	20,82	-0,47	42,70	-1,39	32,80
PI 594302 x BMX APOLO RR	0,34	20,23	-0,68	42,06	-1,35	40,70
PI 594302 x BRS 282	0,65	21,03	0,20	45,84	-0,04	48,42
PI 594302 x VMAX RR	-1,00	20,80	0,47	45,41	1,39	40,58
Populações	Altura da planta na maturidade (cm)					
	F _{2:3} (2019/2020)		F _{2:4} (2020/2021)		F _{2:5} (2021/2022)	
	sij	APM	sij	APM	sij	APM
PI 567562 A x BMX APOLO RR	-4,01	42,10	-2,72	57,11	-2,38	67,70
PI 567562 A x BRS 282	0,12	32,11	2,42	57,23	1,15	69,21
PI 567562 A x VMAX RR	3,89	55,42	0,30	62,53	1,21	72,89
PI 594302 x BMX APOLO RR	4,01	54,05	2,72	65,71	2,38	73,83
PI 594302 x BRS 282	-0,12	35,77	-2,42	55,54	-1,15	68,26
PI 594302 x VMAX RR	-3,89	51,54	-0,30	65,09	-1,22	71,81
Populações	Altura da inserção da primeira vagem (cm)					
	F _{2:3} (2019/2020)		F _{2:4} (2020/2021)		F _{2:5} (2021/2022)	
	sij	AIV	sij	AIV	sij	AIV
PI 567562 A x BMX APOLO RR	-0,42	7,35	-0,96	7,74	-0,75	13,08
PI 567562 A x BRS 282	0,08	6,23	0,80	9,24	0,85	14,27
PI 567562 A x VMAX RR	0,33	9,33	0,15	10,45	-0,09	14,14
PI 594302 x BMX APOLO RR	-0,42	9,32	0,96	11,30	0,75	16,81
PI 594302 x BRS 282	-0,08	7,18	-0,80	9,27	0,85	14,78
PI 594302 x VMAX RR	-0,33	9,79	-0,15	11,78	0,09	16,54
Populações	Valor agrônômico (Índice de 1 a 5)					
	F _{2:3} (2019/2020)		F _{2:4} (2020/2021)		F _{2:5} (2021/2022)	
	sij	VA	sij	VA	sij	VA
PI 567562 A x BMX APOLO RR	-0,04	2,24	-0,01	1,82	-0,00	2,44
PI 567562 A x BRS 282	-0,12	1,97	0,07	1,65	0,09	2,63
PI 567562 A x VMAX RR	0,16	2,64	-0,05	1,79	-0,09	2,53
PI 594302 x BMX APOLO RR	0,04	2,82	0,01	1,93	0,00	2,44
PI 594302 x BRS 282	0,12	2,72	-0,07	1,57	-0,09	2,42
PI 594302 x VMAX RR	-0,16	2,80	0,05	1,98	0,09	2,71
Populações	Produção de grãos (g planta ⁻¹)					
	F _{2:3} (2019/2020)		F _{2:4} (2020/2021)		F _{2:5} (2021/2022)	
	sij	PG	sij	PG	sij	PG
PI 567562 A x BMX APOLO RR	0,09	16,67	-0,65	21,81	0,47	19,60
PI 567562 A x BRS 282	1,63	18,95	1,40	23,90	1,56	23,74
PI 567562 A x VMAX RR	-1,72	17,42	-0,74	21,94	-2,02	22,12
PI 594302 x BMX APOLO RR	-0,09	27,40	0,65	29,53	-0,45	16,82
PI 594302 x BRS 282	-1,63	26,60	-1,40	27,50	-1,56	18,74
PI 594302 x VMAX RR	1,72	31,79	0,74	29,84	2,02	24,29

As médias para altura da planta na maturidade das populações considerando as três gerações (Tabela 4) variaram de 32,11 para a população PI 567562 A x BRS 282 na geração F_{2:3} (2019/2020) a 73,83 para a população PI 594302 x BMX APOLO RR na geração F_{2:5} (2021/2022). Para os efeitos de CEC

(Tabela 4), os maiores valores positivos, associados a médias superiores e com pelo menos um genitor de alta CGC foram registrados para as populações PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX em todas as gerações avaliadas.

Os altos valores positivos de efeitos da CGC (Tabela 3) para altura da inserção da primeira vagem foram registrados, no grupo I, pelo genótipo PI 594302 em todas as gerações, indicando a superioridade desse genitor quanto à frequência de alelos favoráveis para esse caráter. No grupo II, sobressairam-se a cultivar VMAX RR que exibiu elevado efeito positivo da CGC (Tabela 3) em todas as gerações, e a cultivar BMX APOLO RR nas gerações $F_{2:3}$ (2019/2020) e $F_{2:5}$ (2021/2022).

As médias para altura da inserção da primeira vagem das populações considerando as três gerações (Tabela 4) variaram de 6,23 para a população PI 567562 A x BRS 282 na geração $F_{2:3}$ (2019/2020) a 16,81 para a população PI 594302 x BMX APOLO RR na geração $F_{2:5}$ (2021/2022). De acordo com os efeitos de CEC (Tabela 4), os maiores valores positivos foram registrados para a população PI 567562 A x VMAX RR nas gerações $F_{2:3}$ (2019/ 2020) e $F_{2:4}$ (2020/ 2021). Também se destacaram as populações PI 594302 x BMX APOLO RR, que apresentaram efeitos altos e positivos da CEC (Tabela 4) associados a médias superiores nas gerações $F_{2:4}$ (2020/2021) e $F_{2:5}$ (2021/2022), e as populações PI 594302 x BRS 282 e PI 594302 x VMAX RR na geração $F_{2:5}$ (2021/2022).

Para o caráter valor agrônômico, o maior efeito positivo da CGC (Tabela 3) foi exibido, no grupo I, pelo genótipo PI 594302 nas gerações $F_{2:3}$ (2019/2020) e $F_{2:4}$ (2020/2021), e pelo genótipo PI 567562 A na geração $F_{2:5}$ (2021/ 2022). Dentre os genótipos do grupo II, destacaram-se a cultivar VMAX RR que apresentou elevado efeito positivo de CGC (Tabela 3) em todas as gerações, e também a cultivar BMX APOLO RR na geração $F_{2:4}$ (2020/2021) indicando que esses são os melhores genitores para o caráter valor agrônômico.

As médias para o valor agrônômico das populações considerando as três gerações (Tabela 4) variaram de 1,57 para a população PI 594302 x BRS 282 a 64 para a população PI 567562 A x VMAX RR na geração $F_{2:3}$ (2019/2020). Para os efeitos de CEC (Tabela 4), os maiores valores positivos, associados a médias superiores e com pelo menos um genitor de alta CGC foram registrados para as populações PI 567562 A x VMAX RR, PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 594302 x BRS 282 na geração $F_{2:3}$ (2019/2020), para as populações PI 594302 x VMAX RR e PI 594302 x BMX APOLO RR na geração $F_{2:4}$ e as populações PI 567562 A

x BRS 282, PI 594302 x VMAX RR e PI 594302 x BMX APOLO RR na geração F_{2:5} (2021/ 2022).

Para o caráter produção de grãos, o maior efeito positivo da CGC (Tabela 3) foi registrado, no grupo I, pelo genótipo PI 594302 nas gerações F_{2:3} (2019/2020) e F_{2:4} (2020/2021), e pelo genótipo PI 567562 A na geração F_{2:5} (2021/2022). Dentre os genótipos do grupo II, sobressairam-se a cultivar VMAX RR que apresentou elevado efeito positivo de CGC (Tabela 3) em todas as gerações avaliadas, e também a cultivar BRS 282 na geração F_{2:5} (2021/ 2022), o que indica que esses genitores possuem o maior número de alelos favoráveis para o aumento da produção de grãos, que se constitui em um dos caracteres de maior importância agrônômica para a cultura.

As médias para a produção de grãos das populações considerando as três gerações (Tabela 4) variaram de 16,67 para a população PI 567562 A x BMX APOLO RR a 31,79 para a população PI 594302 x VMAX RR na geração F_{2:3} (2019/2020). Para os efeitos de CEC (Tabela 4), os maiores valores positivos, associados a médias superiores e com pelo menos um genitor de alta CGC foram registrados para as populações PI 594302 x VMAX RR em todas as gerações estudadas, PI 594302 x BMX APOLO RR na geração F_{2:4} (2020/2021), PI 567562 A x BMX APOLO RR e PI 567562 A x BRS 282 na geração F_{2:5} (2021/2022).

4. Discussão

A podridão do carvão causada por *Macrophomina phaseolina* é responsável por perdas significativas de rendimento na produção de soja. Entre os métodos disponíveis para o controle desta doença, o melhoramento genético para resistência é promissor. A hibridação artificial no melhoramento de plantas é uma forma de obtenção de cultivares de soja resistentes a podridão do carvão, pois o cruzamento entre genitores com altos níveis de resistência e genitores produtivos possibilita a combinação dos alelos desejáveis em um mesmo indivíduo. Na pesquisa atual, genitores resistentes, genitores produtivos e populações segregantes provenientes dos cruzamentos entre esses genitores se destacaram quanto a capacidade geral e específica de combinação para caracteres agrônômicos de interesse em soja. Além disso, o presente estudo apresenta informações sobre o controle genético desses caracteres agrônômicos contribuindo para o desenvolvimento de cultivares de soja resistentes a podridão do carvão.

Segundo Pimentel (2009), o coeficiente de variação é a medida estatística utilizada na avaliação da precisão dos experimentos, valores de CV acima de 20% indicam baixa precisão experimental. Para os caracteres

avaliados nesta pesquisa, os valores do coeficiente de variação experimental (CVe) indicam boa precisão experimental, com exceção do caráter produção de grãos, que apresentou CVE acima de 20%. No entanto, valores de CVE desta magnitude para essa característica são aceitáveis, por ser um caráter quantitativo e sofrer grande influência das condições ambientais. Esse valor está em conformidade com os obtidos por Colombari Filho e Geraldi (2014) e por Costa et al. (2008).

A presença de diferenças significativas entre as populações para os cinco caracteres avaliados, indica a presença de variabilidade genética entre as populações e a possibilidade de seleção das melhores progênes, nas diferentes populações avaliadas, visando a obtenção de futuros genótipos superiores dentro do programa de melhoramento genético (Souza et al., 2020). As análises de variância para a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram significativas para todos os caracteres em todas as gerações. Esses resultados estão de acordo com os de vários pesquisadores (Daroch et al., 2014; Pereira et al., 2019; Rocha et al., 2018), indicando que, genes aditivos e não aditivos estão envolvidos no controle desses caracteres em soja.

Contudo, uma maior magnitude da CGC em relação à CEC foi observada para todos os caracteres avaliados nas três gerações, com exceção do valor agrônomo na geração F_{2:5} (2021/ 2022), o que revela a prevalência da ação gênica aditiva (Ferreira et al., 2018; Otusanya et al., 2022), indicando que embora existam efeitos genéticos não-aditivos na expressão, houve predominância dos efeitos genéticos aditivos para os caracteres altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agrônomo e produção de grãos.

A significância do quadrado médio de CGC do grupo I e II na análise de cada geração para todos os caracteres indica a existência de pelo menos um genitor, em cada grupo, que apresenta maior frequência de alelos favoráveis, e, portanto, maior contribuição no desempenho médio de populações resultantes destes genitores. A significância de CEC indica a existência de pelo menos uma população com desempenho médio diferente do que era esperado com base na CGC dos genitores (Cruz et al., 2012). As estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação auxiliam o melhorista na escolha das melhores combinações que devem ser selecionadas (Gonçalves et al., 2015).

A altura da planta é uma característica muito importante para a soja, pois

está relacionada com a sua produtividade (Assefa et al., 2019). Plantas com alturas reduzidas podem resultar em rendimentos mais baixos, enquanto plantas de alturas muito elevadas, podem por outro lado serem mais propensas ao acamamento, o que dificulta a colheita mecanizada, e em contrapartida, reduz o rendimento de grãos do genótipo. No presente estudo, as médias da altura das plantas no florescimento e maturidade variaram de 17,55 a 48,42, e de 32,11 a 73,83, respectivamente. Segundo Carvalho et al. (2016) a altura ideal para a soja é entre 70 a 110 cm para reduzir as perdas durante a colheita e o risco de acamamento. Dessa forma, com relação aos valores da altura da planta na maturidade do presente estudo, parte das plantas apresentaram porte baixo. Isso pode ser explicado porque as populações avaliadas ainda estão na fase inicial do processo de melhoramento, etapa em que ocorre a segregação de alelos, portanto as plantas que apresentaram desempenho superior ainda necessitam passar pelas etapas de seleção do programa de melhoramento para promoção da homozigose e aumento da média dos caracteres em questão. A análise dialélica da altura da planta no florescimento e altura da planta na maturidade sugeriu que os efeitos aditivos são mais importantes, indicado pela magnitude superior do quadrado médio da CGC em relação ao quadrado médio de CEC. Esse resultado está de acordo com os encontrados por Mebrahtu e Devine (2008) estudando dez genótipos de soja na geração F_3 para obter estimativas da capacidade de combinação geral e específica.

A altura de inserção da primeira vagem de soja é uma característica agrônômica importante no processo de colheita mecanizada dos grãos de soja, em função da altura da barra de corte da máquina colhedora (Bertolin et al., 2010). No presente estudo, as médias da altura da inserção da primeira vagem variaram de 6,23 a 16,81. Essa característica deve se apresentar entre 10 a 15 cm, para que se reduzam as perdas durante a colheita (Bonetti, 1983). Assim, com relação aos valores das médias da altura de inserção da primeira vagem das populações avaliadas, parte das progênies apresentou altura de inserção de vagens adequada. É importante destacar, que as populações estudadas ainda estão na etapa inicial do processo de melhoramento e ainda irão passar por etapas de seleção para atingir a homozigose e aumentar a média da característica. A análise dialélica da altura da inserção da primeira vagem indicou que os efeitos aditivos são mais importantes, indicado pelo valor superior do quadrado médio da CGC quando comparado ao quadrado médio de CEC. Esse resultado é semelhante ao encontrado por Gavioli et al. (2006) avaliando cultivares de soja na geração F_1 para determinação da capacidade geral e

específica de combinação.

O valor agronômico é um caráter relevante em soja, pois avalia a combinação de características agronômicas que determinam a qualidade e o desempenho de genótipos de soja. No presente estudo, as médias do valor agronômico variaram de 1,57 a 2,46. No caso do valor agronômico, as plantas que mais se aproximarem do ideótipo de soja recebem nota 5. Entretanto, a faixa de valores encontrada nesta pesquisa para valor agronômico foi baixa, contudo, está próxima da média geral 1,81 encontrada por Oliveira et al. (2005) em um estudo para selecionar progênies superiores de soja nas gerações F₃, F₄, F₅ e F₆. Na análise dialélica para valor agronômico das gerações F₃ e F₄, o valor do quadrado médio da capacidade geral de combinação foi comparativamente maior ao quadrado médio da capacidade específica de combinação sugerindo que os efeitos aditivos são mais importantes na herança dessa característica.

Em soja a produção de grãos é o caráter de maior importância econômica. No presente estudo, as médias de produção de grãos variaram de 16,67 a 31,79 g. A faixa de valores encontrada para produção de grãos está de acordo com os resultados obtidos por Silva et al. (2018) em um trabalho para comparar métodos de seleção em populações segregantes de soja nas gerações F₃, F₄ e F₅. A análise dialélica para a produção de grãos sugeriu que os efeitos aditivos são mais importantes, estando de acordo com os resultados obtidos por Otusanya et al. (2022); Oliveira et al. (2014).

De acordo com Mukamuhirwa et al. (2015), no caso de efeitos gênicos predominantemente aditivos, os melhoristas podem realizar a seleção em gerações iniciais de programas de melhoramento. Nesta pesquisa, a análise indicou a predominância de efeitos gênicos aditivos para altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agronômico e produção de grãos, portanto, a seleção de populações para esses caracteres poderia ser realizada nas gerações iniciais. No entanto, como as populações encontram-se nas gerações iniciais, a distinção entre os efeitos genéticos epistáticos e de dominância dentro de cada população se torna mais difícil e evidencia a necessidade de avaliar e estudar as populações em gerações mais avançadas, tanto para melhorar a compreensão do controle genético como para definir estratégias de seleção mais eficientes (Torres et al., 2021).

O genitor PI 594302, do grupo I, exibiu efeito da CGC elevado e positivo para todas as características avaliadas na maior parte das gerações avaliadas, indicando uma alta contribuição de alelos favoráveis nos seus cruzamentos para

esses caracteres. No grupo II, a cultivar VMAX RR apresentou efeitos de CGC elevados e positivos para todos os caracteres em todas as gerações. Em relação às populações, a PI 594302 x VMAX RR exibiu médias superiores e efeitos elevados e positivos de CEC para os caracteres APF, VA e PG na maioria das gerações estudadas. As populações PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX RR também se sobressairam apresentando médias elevadas e efeitos altos e positivos de CEC para os caracteres APM e AIV na maior parte das gerações avaliadas.

Dessa forma, as populações PI 594302 x VMAX RR, PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX RR são indicadas para a extração de linhagens superiores para resistência à podridão do carvão e caracteres agrônômicos de interesse. Como próximo passo para o desenvolvimento de cultivares de soja resistentes à podridão do carvão, características adicionais devem ser incluídas como a avaliação das populações ao fitopatógeno *M. phaseolina*, agente causal da podridão do carvão, além da realização dos testes em ensaios multiambientais.

5. Conclusão

Existe predominância de efeitos aditivos no controle genético dos caracteres : altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, valor agrônômico e produção de grãos.

Os genitores PI 594302 e VMAX RR se destacaram quanto à capacidade geral de combinação para as características APF, APM, AIV, VA e PG.

A população PI 594302 x VMAX RR é promissora para a extração de progênies superiores para três caracteres (APF, VA e PG) simultaneamente.

As populações PI 594302 x BMX APOLO RR e PI 567562 A x VMAX RR são promissoras para a extração de populações superiores para dois caracteres (APM e AIV) simultaneamente.

6. Referências bibliográficas

Al-Ahmadi A, Subedi A, Choudhary R, Fakhoury A, Watson D (2021) Hyperspectral spectroscopy to detect different responses of two soybean (*Glycine max*) cultivars to charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) toxin, **Engenharia Agrícola** 41: 78-86.

Assefa T, Otyama PI, Brown AV, Kalberer SR, Kulkarni RS, Cannon SB (2019) Genome-wide associations and epistatic interactions for internode number, plant height, seed weight and seed yield in soybean. **BMC Genomics** 20:1-12.

Basandrai AK, Pandey AK, Somta P, Basandrai M (2021) *Macrophomina phaseolina*–host interface: Insights into an emerging dry root rot pathogen of mungbean and urdbean, and its mitigation strategies. **Plant Pathology** 70: 1263-1275.

Bellaloui N, Mengistu A, Smith JR, Abbas HK, Accinelli C, Shier WT (2023) Soybean seed sugars: a role in the charcoal rot resistance mechanism and potential use as biomarkers in selection. **Plants** 12: 1- 13.

Bertolin DC, As ME, Arf O, Furlani Junior E, Colombo AS; Carvalho LBM (2010) Aumento da produtividade de soja com a aplicação de boestimulantes. **Bragantia** 69:339-347.

Bizari EH (2018) **Estudo de herança genética de resistência à *Macrophomina phaseolina* na cultura de soja**. 56 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Unesp, Jaboticabal.

Borém A, Miranda GV, Fritsche-Neto R (2021) **Melhoramento de plantas**. 8.ed. São Paulo: Oficina de Textos, 456 p.

Bonetti LP (1983) **A soja no Brasil**. 1.ed.Campinas: ITAL, 1062 p.

Cao D, Li Y, Li B, Kong F, Tran LSP (2018) Adaptative mechanisms of soybean grown on salt-affected soils. **Land Degradation & Development** 29: 1054-1064.

Carvalho IR, Souza VQ, Nardino M, Maia LC (2016) **Resultados Experimentais da Soja**. 1. ed. Porto Alegre: Cidadela, 192 p.

Colombari Filho JM, Geraldi IO (2014) Sample size for the assessment of soybean inbred populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 14: 71-75.

CONAB. **Safra brasileira de grãos**. Brasília: Conab, 2024. Disponível em <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 20 jan. 2024.

Conjin JG, Bindraban PS, Scröder JJ, Jongschaap REE (2018) Can our global food system meet food demand within planetary boundaries? **Agriculture, Ecosystems & Environment** 251: 244-256.

Costa MM, Mauro AO, Unêda- Trevisoli SH, Arriel NHC, Barbaro IM, Silveira GD, Muniz FRS (2008) Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia** 67: 101- 108.

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2012) **Modelos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 480 p.

Daronch DJ, Peluzio JM, Afférri FS, Nascimento MO (2014) Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições de cerrado tocanтинense. **Bioscience Journal** 30: 688-695.

Federer WT (1956) Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record** 55: 191-208.

Ferreira LU, Melo PGS, Vieira RF, Junior ML, Pereira HS, Melo LC, Souza TLPO (2018) Combining ability as a strategy for selecting common bean parents and populations resistant to white mold. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 18: 276-283.

Gavioli EA, Perecin D, Mauro AOD (2006) Analysis of combining ability in soybean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 6: 121-128.

Gerhardt IFS, Junior ATA, Pena GF, Guimarães LJM, Lima VJ, Vivas M, Santos PHAD, Ferreira FRA, Freitas MSM, Kamphorst SH (2019) Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. **Plos One** 14: 1-14.

Gonçalves JGR, Chiorato AF, Silva DA, Esteves JAF, Bosetti F, Morais SAC (2015) Análise da capacidade combinatória em feijoeiro comum submetido ao déficit hídrico. **Bragantia** 74: 149-155.

Ishikawa MS, Ribeiro NR, Oliveira EC, Almeida AA, Balbi-Peña M.I (2018) Seleção de cultivares de soja para resistência à podridão negra da raiz (*Macrophomina phaseolina*). **Summa Phytopathologica** 43: 38-44.

Jordaan E, Waals JEV, McLaren NW (2019) Effect of irrigation on charcoal rot severity, yield loss and colonization of soybean and sunflower. **Crop Protection** 122: 63-69.

Khalili E, Javed MA, Huyop F, Wahab RA (2019) Efficacy and cost study of green fungicide formulated from crude beta-glucosidase. **International Journal of Environmental Science and Technology** 16: 4503-4518.

Martin TN, Rugeri AP, Beutler AN, Conceição GM, Fipke GM, Pires JLF, Galon L, Cunha VS (2022) **Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina, safras 2022/ 2023 e 2023/ 2024**. Santa Maria: Editora GR, 136 p.

Mebrahtu T, Devine TE (2008) Combining ability analysis for selected green pod yield componentes of vegetable soybean genotypes (*Glycine max*). **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science** 36: 97-105.

Mengistu A, Ray J D, Smith J R, Paris R L (2007) Charcoal rot disease assessment of soybean genotypes using a colony forming unit index. **Crop Science** 47: 2453-2461.

Mengistu A, Arelli P, Bond J, Nelson R, Rupe J, Shannon G, Wrather A (2013) Identification of soybean accessions resistant to *Macrophomina phaseolina* by field screening and laboratory validation. **Plant Health Progress** 14: 1-20.

Mukamuhirwa F, Tusiime G, Mukankusi MC (2015) Inheritance of high iron and zinc concentration in selected bean varieties. **Euphytica** 205: 349-360.

Otusanya O, Chigeza G, Chander S, Abebel AT, Sobowale OO, Ojo DK, Akoroda MO (2022) Combining ability of selected soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] parental lines. **Indian Journal of Agricultural Research** 56:7-11.

Oliveira RC, Mauro AO, Unêda-Trevisoli SH, Santos JM, Oliveira JA, Perecin D, Arantes NE (2005) Progenies superiores de soja resistentes ao tipo 3 do nematoide de cisto da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 40: 745-751.

Oliveira IJ, Vello NA, Melo PP, Vieira J, Wyminersky PT (2014) Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology** 57: 178–186.

Paris RL, Mengistu A, Tyler JM, Smith JR (2006) Registration of soybean germplasm line DT97-4290 with moderate resistance to charcoal rot. **Crop Science** 46: 2324-2325.

Pawlowski ML; Hill CB, Hartman GL (2015) Resistance to charcoal rot identified in ancestral soybean germplasm. **Crop Science** 55: 1230-1235.

PIMENTEL GF (2009) **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 451p.

R CORE TEAM(2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

ROCHA AF, PEREIRA FAC, Vello NA (2018) Potencial of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield, **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 18: 267-275.

Pereira FAC, Vello NA, Rocha GAF (2019) Identification of potencial soybean

crosses for grain yield in the F₂ generation. **Revista Agrarian** 12: 286-295.

Silva FM, Pereira EM, Val BHP, Perecin D, Mauro AO, Unêda- Trevisoli SH (2018) Strategies to select soybean segregating populations with the goal of improving agronomic traits. **Acta Scientiarum. Agronomy** 40: 1-9.

Siqueira- Neto M, Popin GV, Ferrão GE, Santos AKB, Cerri CEP, Ferreira TO (2022) Soybean expansion impacts on soil organic matter in the eastern region of the Maranhão State (Northeastern Brazil). **Soil Use and Management** 28: 1203-1216.

Soares SL, Simon GA, Alvares RC, Silva FHL (2023) Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parents and F₁ populations. **Revista Ceres** 70: 1- 10.

Souza RS, Barbosa PA, Yassue RM, Bornhofen E, Espolador FG, Nazato FM, Vello NA (2020) Combining Ability for the Improvement of Vegetable Soybean. **Agronomy Journal** 112: 3535- 3548.

Spagnoletti FN, Cornero M, Chiocchio V, Lavado RS, Roberts IN (2020) Arbuscular mycorrhiza protects soybean plants against *Macrophomina phaseolina* even under nitrogen fertilization, **European Journal of Plant Pathology** 156: 839-849.

TEODORO, L.P.R., BHERING, B.L., GOMES, B.E.L., CAMPOS, C.N.S., BAIO, F.H.R., GAVA, R., JÚNIOR, C.A.S., TEODORO, P.E (2019) Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **Plos One** 14: 1-13.

Torres MHRM, Souza TLPO, Melo LC, Pereira HS (2021) Combining ability for resistance to *Fusarium* wilt and yield in black bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 56: 1-9.

CAPÍTULO 3- Patogenicidade de diferentes isolados de *Macrophomina* spp. em soja

RESUMO A soja é a leguminosa economicamente mais importante dentro do cenário agrícola mundial, cultivada atualmente. No entanto, o cultivo de soja é continuamente desafiado por doenças que causam redução da sua produtividade tanto quantitativa quanto qualitativamente, como a podridão do carvão, doença causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina*. Estudos moleculares revelaram a existência de quatro novas espécies de fungo do gênero *Macrophomina*. O controle de doenças pode envolver uma ou várias estratégias. Uma dessas estratégias é o uso de cultivares resistentes. Para o desenvolvimento de cultivares resistentes, além de conhecer a diversidade genética da planta, é necessário considerar o grau de variabilidade do patógeno, sendo que, até o momento, nenhum estudo foi realizado sobre a patologia de espécies do gênero *Macrophomina* em soja. Assim, o objetivo deste estudo consistiu em avaliar a patogenicidade de isolados de *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* em genótipos de soja. O experimento foi realizado de outubro de 2022 a março de 2023 em casa de vegetação localizada na UNESP/ FCAV em Jaboticabal, São Paulo, Brasil. O ensaio foi constituído por cinco genótipos de soja e cinco isolados de três diferentes espécies do gênero *Macrophomina* spp. dispostos em arranjo fatorial e conduzido no delineamento de blocos casualizados com três repetições por tratamento. Os resultados do teste de patogenicidade em genótipos de soja com *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* realizado revelaram que as três espécies de *Macrophomina* são capazes de infectar esta cultura, no entanto, *M. phaseolina* e *M. pseudophaseolina* apresentaram maior severidade da doença, quando comparados à *M. euphorbiicola*.

Palavras-chave: *Glycine max*, podridão do carvão, *Macrophomina pseudophaseolina*, *Macrophomina euphorbiicola*, patogenicidade.

CHAPTER 3- Pathogenicity of different isolates of *Macrophomina* spp. in soybean

ABSTRACT Soybean is the most economically important legume currently cultivated in the global agricultural scenario. However, soybean cultivation is continually challenged by diseases that reduce its productivity both quantitatively and qualitatively, such as charcoal rot, a disease caused by the fungus *Macrophomina phaseolina*. Molecular studies revealed the existence of four new species of fungus from the genus *Macrophomina*. Disease control may involve one or several strategies. One of these strategies is the use of resistant cultivars. For the development of resistant cultivars, in addition to knowing the genetic diversity of the plant, it is necessary to consider the degree of variability of the pathogen, and, to date, no studies have been carried out on the pathology of species of the genus *Macrophomina* in soybeans. Thus, the objective of this study was to evaluate the pathogenicity of isolates of *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* and *M. euphorbiicola* in soybean genotypes. The experiment was carried out from October 2022 to March 2023 in a greenhouse located at UNESP/FCAV in Jaboticabal, São Paulo, Brazil. The assay consisted of five soybean genotypes and five isolates of three different species of the genus *Macrophomina* spp. arranged in a factorial arrangement and conducted in a randomized block design with three replications per treatment. The results of the pathogenicity test on soybean genotypes with *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* and *M. euphorbiicola* revealed that the three species of *Macrophomina* are capable of infecting this crop, however, *M. phaseolina* and *M. pseudophaseolina* showed greater severity of the disease, when compared to *M. euphorbiicola*.

Keywords: *Glycine max*, charcoal rot, *Macrophima pseudophaseolina*, *Macrophomina euporbiicola*, pathogenicity.

1.Introdução

A soja [*Glycine max* (L.) Merr.] é a leguminosa de maior importância no cenário agrícola mundial. O Brasil é atualmente o maior produtor de soja do mundo, tendo produzido 162 milhões de toneladas do grão em uma área cultivada de aproximadamente 45 milhões de hectares na safra 2023/2024 (CONAB, 2024). No entanto, o cultivo de soja é continuamente desafiado por doenças que causam redução da sua produtividade tanto quantitativa quanto qualitativamente. A podridão do carvão causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* (Tassi.) Goid é considerada uma das doenças mais graves e destrutivas em soja (Singh et al., 2020).

O fungo necrotrófico *M. phaseolina* é transportado pelo solo e sementes, e infecta mais de 380 espécies de plantas (USDA, 2024). Na cultura da soja, os sintomas dessa doença são mais comuns após o estágio inicial de formação de grão (R5.1), onde as plantas que sobrevivem à infecção inicial podem apresentar amarelecimento progressivo levando à murcha. Os ramos ficam caídos, ao longo das hastes, mantendo as folhas aderidas às mesmas, as quais se tornam secas e de coloração marrom-escura. Nessas plantas, as raízes apresentam a epiderme solta, ou facilmente destacável, deixando à mostra pontuações negras, denominados de microescleródios, os quais são a principal fonte de inóculo desse patógeno (Sediyama et al., 2015; Almeida e Seixas, 2010).

Durante muito tempo, *M. phaseolina* foi a única espécie estudada no gênero *Macrophomina*. Entretanto, estudos filogenéticos revelaram a existência de quatro novas espécies de *Macrophomina*: *M. pseudophaseolina* (Sarr et al., 2014), *M. euphorbiicola* (Machado et al., 2019), *M. vacina* (Zhao et al., 2019) e *M. tecta* (Poudel et al. 2021). No Brasil, *M. pseudophaseolina* foi relatada pela primeira vez em amendoim (*Arachis Hypogaea*), algodão (*Gossypium hirsutum* L.), mamona (*Ricinus communis* L.), pinhão- manso (*Jatropha curcas* L.) (Machado et al., 2019), mandioca (*Manihot esculenta* C.) (Brito et al., 2019), em raízes de duas espécies de plantas daninhas, *Trianthema portulacastrum* L. e *Boerhavia diffusa* L. (Negreiros et al., 2019) e em batata-doce (*Ipomoea batatas*) (Mello et al., 2021). Por sua vez, *M. euphorbiicola* foi encontrada em *R.communis*, *Jatropha gossypifolia* L. (Machado et al., 2018) e batata-doce no Brasil (Mello et al., 2021).

O controle da podridão do carvão na soja poderia envolver várias estratégias, incluindo rotação de culturas, preparo do solo, irrigação e tratamento de sementes, no entanto, nenhuma dessas práticas tem sido suficiente para controlar a doença (Silva et al., 2019). Portanto, à semelhança de outras enfermidades, o método mais prático e econômico para controlar a podridão do carvão é por meio da resistência genética (Cruciol e Costa, 2018). A utilização de fontes de resistência identificadas a partir de germoplasma cultivado e selvagem pode fornecer o controle eficiente e sustentável para garantir o alto rendimento e qualidade das sementes (Shehbaz et al., 2018). A resistência completa a *M. phaseolina* ainda não foi relatada em soja (Bellaloui et al., 2023). No entanto, a identificação da resistência parcial já foi encontrada em alguns genótipos de soja, que podem ser utilizados para obtenção de cultivares que resistam, mesmo que parcialmente, a ação dessa doença (Paris et al., 2006; Mengistu et al., 2007; Mengistu et al., 2013; Pawlowski et al., 2015).

Para o desenvolvimento de cultivares resistentes, além de conhecer a diversidade genética da espécie, é necessário considerar o grau de variabilidade do patógeno. Além disso, até o momento, nenhum estudo foi realizado sobre a patologia de espécies do gênero *Macrophomina* em soja. Assim, o objetivo deste estudo consiste em avaliar a patogenicidade de isolados de *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* em genótipos de soja. Esta pesquisa fornece novas informações relativas à patogenicidade do gênero *Macrophomina* em relação à cultura da soja, representando a importância de avaliação de outras espécies deste importante fungo patogênico, visando incorporação de novas fontes de resistência para esta doença em programas de melhoramento genético da cultura da soja, no Brasil e no mundo.

2. Material e Métodos

2.1 Isolados de *Macrophomina* spp.

Neste estudo foram utilizados cinco isolados pertencentes a três diferentes espécies do gênero *Macrophomina* (Tabela 1). Esses isolados são provenientes da “Coleção de Culturas de Microrganismos Fitopatogênicos” (CCMF) da Embrapa Algodão (Campina Grande, Paraíba, Brasil).

Tabela 1. Lista de isolados de espécies de *Macrophomina* utilizadas na avaliação dos genótipos de soja.

Espécies de <i>Macrophomina</i>	Número do isolado	Hospedeiro	Localização
<i>Macrophomina pseudophaseolina</i>	CCMF 293	<i>Gossypium hirsutum</i>	Rio Grande do Norte- Brasil
<i>Macrophomina pseudophaseolina</i>	CCMF 669	<i>Arachis hypogaea</i>	Rio Grande do Norte- Brasil
<i>Macrophomina euphorbiicola</i>	CCMF 278	<i>Jatropha gossypifolia</i>	Paraíba- Brasil
<i>Macrophomina phaseolina</i>	CCMF 277	<i>Helianthus annuus</i>	Paraíba- Brasil
<i>Macrophomina phaseolina</i>	CCMF 707	<i>Glycine max</i>	Maranhão- Brasil

2.2 Genótipos de soja

Foram avaliados dois genótipos de soja exóticos (PI 594302 e PI 567562A) e três cultivares brasileiras (BRS 282, VMAX RR e BMX APOLO RR). Em estudos anteriores, os genótipos exóticos apresentaram maiores níveis de resistência à podridão do carvão (Mengistu et al., 2013), enquanto que as cultivares brasileiras foram consideradas suscetíveis (Bizari, 2018).

2.3 Preparação do inóculo

Inicialmente, grãos de arroz com casca foram umedecidos e autoclavados em erlenmeyers por três dias consecutivos à 120 °C por 30 minutos. Em seguida, dez discos com um centímetro de diâmetro do meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar (BDA) colonizados com cada isolado cultivado foram adicionados nos erlenmeyers. O inóculo foi mantido a $28 \pm 2^\circ\text{C}$ durante 15 dias, agitando-se manualmente todos os dias os erlenmeyers, para garantir uma colonização homogênea dos grãos de arroz.

2.4 Delineamento experimental e método de inoculação

O experimento foi realizado de outubro de 2022 a março de 2023 em casa de vegetação localizada no Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP/ FCAV), localizada em Jaboticabal, São Paulo, Brasil. O ensaio foi constituído por cinco genótipos de soja e cinco isolados de três diferentes espécies do gênero *Macrophomina* spp. dispostos em arranjo fatorial e conduzido no delineamento de blocos casualizados com três repetições para cada tratamento.

Para o processo de inoculação, foi realizado o enchimento dos vasos de 5 L com substrato esterilizado, sendo realizada uma cova na superfície do vaso com 5 cm de profundidade. Três sementes de arroz com casca infectadas com *Macrophomina* spp. foram colocadas em cada orifício. As sementes de arroz foram cobertas levemente com substrato e a semente do genótipo a ser avaliado foi tratada com fungicida Vitavax-Thiram e semeada na superfície do substrato, sendo novamente coberta, conforme metodologia adaptada de Ndiaye et al. (2015).

O controle de cada tratamento consistiu de grãos de arroz com casca autoclavados, não colonizados pelo fungo e depositados nos vasos da mesma forma que a descrita anteriormente. Os vasos foram mantidos na casa de vegetação com temperatura entre 28 e 35°, sob fotoperíodo de 12,5 horas. A irrigação foi realizada manualmente.

2.5 Avaliação da doença

As plantas de soja foram colhidas após atingirem o estágio de maturidade completa ou estágio R8 de desenvolvimento (Fehr e Caviness, 1977). As plantas foram avaliadas pelo método da severidade na raiz e caule (SRC), que apresentou os melhores resultados no trabalho desenvolvido por Bizari (2018). Sendo assim, cada planta avaliada foi dividida longitudinalmente na raiz principal e no caule, sendo avaliada visualmente pela intensidade da coloração e da quantidade de microescleródios sobre o tecido da planta (Mengistu et al., 2007). A classificação foi realizada por uma escala de notas de 1 a 5, onde 1 = nenhum microescleródio visível no tecido e 5 = tecido vascular

escurecido devido ao elevado número de microescleródios. A escala de notas foi dividida em quatro classificações propostas por Paris et al. (2006), em que: resistente (valores até 1), moderadamente resistente (valores > 1 e ≤ 2), moderadamente suscetível (valores > 2 e < 3) e suscetível (valores de 3 a 5).

2.6 Análise estatística dos dados

Os resultados das avaliações foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 1% de probabilidade. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa R (R CORE TEAM, 2021).

3. Resultados

A análise de variância indicou diferenças significativas para a variável severidade da raiz e caule (SRC), sendo tais diferenças significativas a 1% de probabilidade para os genótipos de soja, para os isolados das três espécies *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* e também para a interação genótipo x isolado (Tabela 2).

Tabela 2. Análise de variância para o caráter severidade de raiz e caule (SRC) na avaliação da patogenicidade de isolados do gênero *Macrophomina* spp. em genótipos de soja.

FV	GL	SQ	QM	F
Genótipos	4	13,41	3,35	3,44*
Isolados	4	35,38	8,84	9,09*
Bloco	2	2,27	1,13	1,16
Genótipo x Isolado	16	38,66	2,41	2,48*
Resíduo	40	38,89	0,97	
Total	72	128,61		

FV: Fatores de variação; GL: Graus de liberdade; SQ: Soma de quadrados; QM: Quadrado médio; F: Teste F; * significativo a 1%.

Na avaliação da SRC, todos os genótipos inoculados apresentaram sintomas da doença, confirmando não haver genótipo completamente resistente aos isolados das três diferentes espécies de *Macrophomina* spp. (Figura 1). O genótipo PI 567562 A apresentou a menor severidade, indicando ser o mais resistente, contudo diferiu estatisticamente pelo teste de Tukey apenas do genótipo PI 594302. O valor da SRC para o genótipo PI 567562 A foi de 1,65, sendo que os valores mais elevados de severidade foram apresentados pelo genótipo PI 594302 (2,8), VMAX RR (2,65), BRS 282 (2,11) e Apolo RR (1,86) respectivamente.

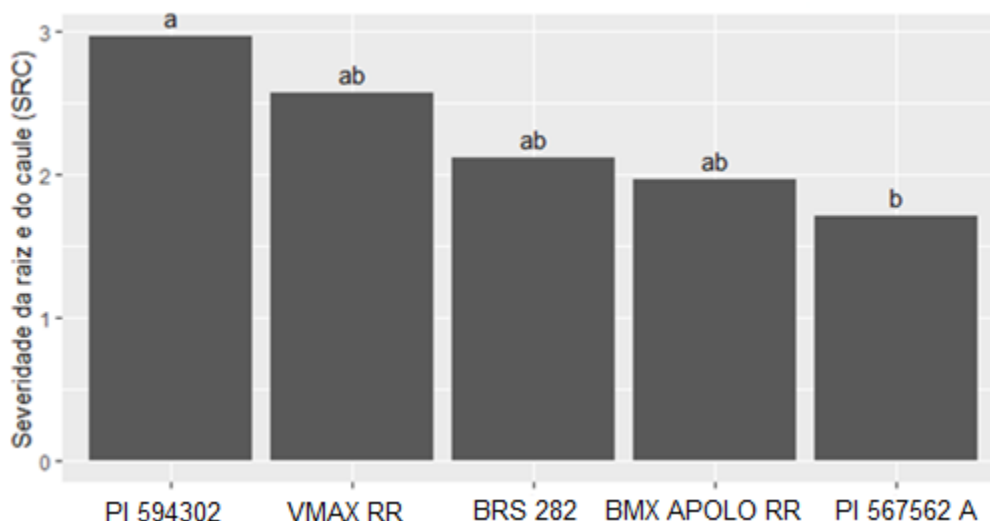


Figura 1. Avaliação da Severidade em Raiz e Caule (SRC) em genótipos de soja a isolados de *Macrophomina* spp. Médias seguidas pela mesma letra, não diferem entre si, ao de nível de 1% de probabilidade pelo teste de Tukey. Jaboticabal, SP.

Os isolados das três espécies *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* foram patogênicos aos genótipos de soja avaliados (Figura 2). Nos genótipos de soja, os isolados *M. phaseolina*- CCMF 277, *M.pseudophaseolina*- CCMF 293 e *M.phaseolina*- CCMF 707 apresentaram os maiores valores de severidade (Figura 3), e diferiram estatisticamente pelo teste de Tukey dos isolados *M. phseudophaseolina*- CCMF 669 e *M. euphorbiicola*- CCMF 278. A severidade da doença foi maior para os isolados *M. phaseolina*- CCMF 277 (3,04), *M.pseudophaseolina*- CCMF 293 (2,62), *M.phaseolina*- CCMF 707 (2,55), quando comparados aos isolados *M. phseudophaseolina*- CCMF 669 (1,50) e *M. euphorbiicola*- CCMF 278 (1,36).



Figura 2. Formação de microscleródios de (A) *Macrophomina phaseolina* (B) *M.pseudophaseolina* e (C) *M.euphorbiicola* nos tecidos de raiz e caule de genótipos de soja. Fonte: Silva, H.K. 2023.

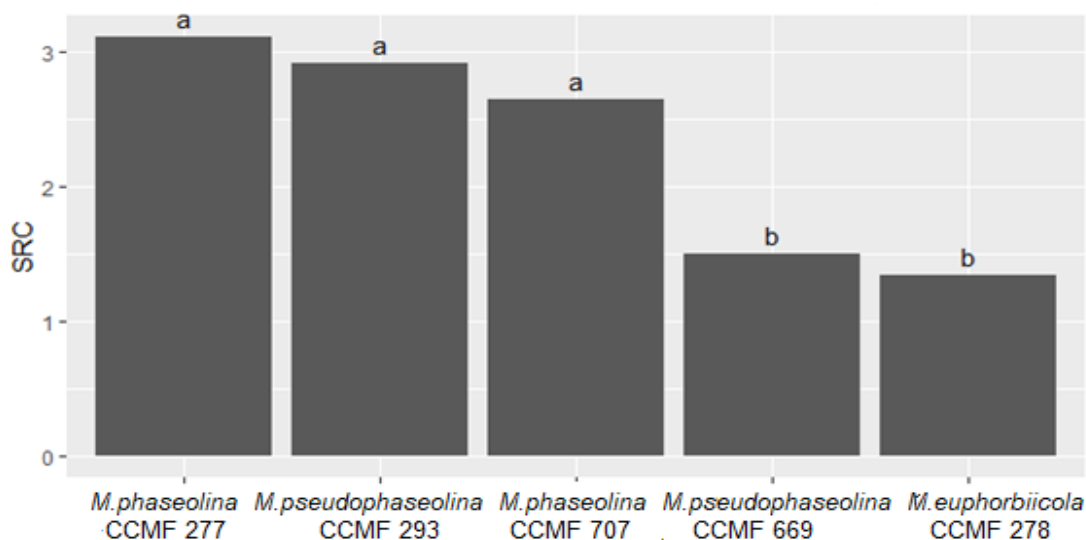


Figura 3: Avaliação da Severidade em Raiz e Caule (SRC) em isolados de *Macrophomina* spp. Médias seguidas pela mesma letra, não diferem entre si, ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de Tukey, Jaboticabal, SP.

Este trabalho relata pela primeira vez que *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* são capazes de infectar genótipos de soja. Sendo assim, tais resultados são extremamente preocupantes, devido à ausência de informações sobre os riscos representados por essas espécies na cultura da soja, em função de sua recente descrição e avaliação.

4. Discussão

De acordo com a escala proposta por Paris et al. (2006), o genótipo PI 567562 A e Apolo RR foram considerados moderadamente resistente, pois apresentaram valor de severidade entre 1 e 2. Segundo a mesma escala, os genótipos PI 594302, VMAX RR e BRS 282 foram considerados moderadamente suscetíveis pois apresentaram valor de severidade entre 2 e 3. Esses resultados, em parte, não corroboram com as observações de trabalho anterior realizado em campo por Mengistu et al. (2013) em que os genótipos PI 594302 e PI 567562 A apresentaram bons níveis de resistência a isolados de *M. phaseolina*. Bizari (2018) estudando em casa de vegetação a resistência dos mesmos genótipos de soja a um único isolado de *M. phaseolina*, observou que o único genótipo que apresentou resistência moderada, foi o genótipo PI 594302. Essa variação pode ser atribuída a influência ambiental e a avaliação de diferentes espécies de *Macrophomina* spp. (Sharma et al., 2016).

Os resultados do teste de patogenicidade em genótipos de soja com *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M. euphorbiicola* realizado em casa de vegetação revelaram que as três espécies de *Macrophomina* são capazes de infectar esta cultura, no entanto, *M. phaseolina* e *M. pseudophaseolina*

apresentaram maior severidade da doença, quando comparados à *M. euphorbiicola*. Resultados similares sobre a patogenicidade de espécies de *Macrophomina* também foram observadas por Ndiaye et al.(2015), onde os isolados de *M. phaseolina* apresentaram os maiores valores de severidade de podridão do carvão quando comparados com *M. pseudophaseolina* após inoculação de cultivares de feijão. Negreiros et al. (2019) estudando a patogenicidade de *M. phaseolina* e *M. pseudophaseolina* de espécies de ervas daninhas em mudas de melão, revelaram que todos os isolados de *M. phaseolina* inoculados foram capazes de causar doença em mudas de melão, mas apenas alguns isolados de *M. pseudophaseolina* foram capazes de infectá-los.

Sarr et al. (2014) identificaram por meio de estudos moleculares a espécie *M. pseudophaseolina* causando podridão do carvão em quiabo (*Abelmoschus esculentus*), amendoim (*Arachis hypogaea*), hibisco (*Hibiscus sabdarifa*) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) no Senegal. Por sua vez, *M. euphorbiicola* foi descrita pela primeira vez por Machado et al.(2018) em mamona (*Ricinus communis*) e pinhão roxo (*Jatropha gossypifolia* L.) no Brasil. Dessa forma, informações sobre a distribuição geográfica, patogenicidade e frequência em diferentes hospedeiros dessas espécies ainda não estão bem estabelecidas. Neste estudo, os isolados das espécies *M.pseudophaseolina* e *M.phaseolina* foram mais patogênicos que *M.euphorbiicola*. Porém, é essencial realizar estudos mais aprofundados e também obter um maior número de isolados de distintos hospedeiros e diferentes regiões para compreender melhor a ação desses patógenos em soja.

5. Conclusão

Os isolados de fungos avaliados, pertencentes às três espécies *M. phaseolina*, *M. pseudophaseolina* e *M.euphorbiicola*, foram patogênicos para todos os genótipos de soja avaliados, sendo tais resultados inéditos, para a cultura.

Estudos adicionais com novos genótipos de soja e outros isolados deverão ser realizados para um melhor entendimento dessas novas espécies de *Macrophomina* recentemente descritas.

6.Referências bibliográficas

Almeida AMR, Seixas CDS (2010) **Soja: doenças radiculares e de hastes e inter-relações com o manejo do solo e da cultura**. 1.ed. Londrina: Embrapa Soja, 399 p.

Bellaloui N, Mengistu A, Smith JR, Abbas HK, Accinelli C, Shier WT (2023) Soybean seed sugars: a role in the charcoal rot resistance mechanism and potential use as biomarkers in selection. **Plants** 12: 1- 13.

Bizari EH (2018) **Estudo de herança genética de resistência à *Macrophomina phaseolina* na cultura de soja**. 56 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Unesp, Jaboticabal.

Brito ACQ, Mello JF, Michereff SJ, Motta CMS, Machado AR (2019) First report of *Macropomina pseudophaseolina* causing stem dry rot in cassava in Brazil. **Journal of Plant Pathology** 101: 1245-1245.

CONAB- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Safra brasileira de grãos**. Brasília: CONAB, 2024. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 20 jan. 2024.

Cruciol GCD, Costa MLN (2018) Influência de metodologias de inoculação de *Macrophomina phaseolina* no desempenho de cultivares de soja. **Summa Phytopathologica** 44: 32-37.

Fehr WR, Caviness CE. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. 12p. Special Report, 80.

Machado AR, Pinho DB, Soares DJ, Gomes AAM, Pereira OL (2018) Bayesian analyses of five gene regions reveal a new phylogenetic species of *Macrophomina* associated with charcoal rot on oilseed crops in Brazil. **European Journal of Plant Pathology** 153: 89-100.

Mengistu A, Ray J D, Smith J R, Paris R L (2007) Charcoal rot disease assessment of soybean genotypes using a colony forming unit index. **Crop Science** 47: 2453-2461.

Mengistu A, Arelli P, Bond J, Nelson R, Rupe J, Shannon G, Wrather A (2013) Identification of soybean accessions resistant to *Macrophomina phaseolina* by field screening and laboratory validation. **Plant Health Progress** 14: 1-20.

Mello JF, Brito ACQ, Vieira JCB, Câmara MPS, Michereff SJ, Motta CMS, Machado AR (2021) Identification and pathogenicity of Botryosphaeriaceae species associated with root and stem rot of sweet potato in Brazil. **Plant Pathology** 70: 1601-1615.

Ndiaye M, Sarr MP, Cisse N, Ndoeye I (2015) Is the recently described *Macrophomina pseudophaseolina* pathogenically different from *Macrophomina phaseolina*? **African Journal of Microbiology Research** 9: 2232-2238.

Negreiros AMP, Sales Júnior R, León M, Melo NJA, Michereff SJ, Ambrósio MMQ (2019) Identification and pathogenicity of *Macrophomina* species collected from weeds in melon fields Brazil. **Journal of Phytopathology** 167: 326-337.

Paris RL, Mengistu A, Tyler JM, Smith JR (2006) Registration of soybean germplasm line DT97-4290 with moderate resistance to charcoal rot. **Crop Science** 46: 2324-2325.

Pawlowski ML; Hill CB, Hartman GL (2015) Resistance to charcoal rot identified in ancestral soybean germplasm. **Crop Science** 55: 1230-1235.

Poudel B, Shivas RG, Adorada DL, Barbetti MJ, Bithell SL, Kelly LA, Moore N, Sparks AH, Tan YP, Thomas G, Leur JV, Vaghefi N (2021) Hidden diversity of *Macrophomina* associated with broadacre and horticultural crops in Australia. **European Journal of Plant Pathology** 161: 1-23.

R CORE TEAM(2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Sarr MP, Ndiaye MB, Groenewald JZ, Crous PW (2014) Genetic diversity in *Macrophomina phaseolina*, the causal agent of charcoal rot. **Phytopathologia Mediterranea** 53: 250-268.

Sediyama T, Silva F, Borém A (2015) **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 333 p.

Sharma M, Ghosh R, Telangre R, Rathore A, Saifulla M, Mahalinga D, Saxena DR, Jain YK (2016) Environmental influences on Pigeonpea-*Fusarium udum* interactions and stability of genotypes to *Fusarium* wilt. **Frontiers in Plant Science** 7: 1-10.

Shehbaz M, Rauf S, Al-Sadi AM, Nazir S, Bano S, Shahzad M, Hussain MM (2018) Introgression and inheritance of charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) resistance from silver sunflower (*Helianthus argophyllus* Torr. & A.Gray) into cultivated sunflower (*Helianthus annus* L.). **Australasian Plant Pathology** 47: 413-420.

Silva MP, Klepadlo M, Gbur EE, Pereira A, Mason RE, Rupe JC, Bluhm BH, Madeira L, Mozzoni LA, Chen P (2019) QTL Mapping of charcoal rot resistance in PI 567562A soybean accession. **Crop Science** 59: 1-7.

Singh P, Chatterjee A, Rajput LS, Kumar S, Natara V, Bhatia V, Prakash S (2020) Biospeckle based sensor for characterization of charcoal rot (*Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid) disease in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) **IEEE Access** 4: 1-13.

USDA. **Fungal Databases - Fungus-Host By Country (2024)**. Disponível em: < <https://fungi.ars.usda.gov/>>. Acesso em 26 Jan. 2024.

Zhao L, Cai J, He W, Zhang Y (2019) *Macrophomina vaccinii* sp.nov.causing blueberry stem blight in China. **MycoKeys** 55: 1-14.