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

Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática

Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira

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

**Piracicaba
2009**

Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira
Engenheiro Agrônomo

Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática

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

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

**Piracicaba
2009**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Vieira, Paulo Fernando de Melo Jorge

Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática / Paulo Fernando de Melo Jorge Vieira. - - Piracicaba, 2009.
85 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2009.
Bibliografia.

1. Ferrugem - Doença de planta 2. Maturação vegetal 3. Melhoramento genético vegetal 4.
4. Soja 5. Tolerância I. Título

CDD 633.34
V658d

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

Ao meus pais Fernando e Dolores, meus irmãos Caio Tiago e Dolores, e aos novos membros da família meus sobrinhos Tiago e Camila.

Dedico

À Mara Oliveira minha esposa e companheira.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

A Deus pela força, equilíbrio e proteção.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo.

À Universidade de São Paulo, através da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pela oportunidade e excelente suporte pessoal e estrutural.

Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela confiança, paciência, amizade e orientação acadêmica e pessoal.

Ao Prof. Dr. José Baldin Pinheiro pela amizade e confiança. E a todos os professores vinculados ao departamento de Genética e Melhoramento de Plantas da ESALQ.

Aos funcionários e amigos do laboratório do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas Antonio Roberto Cogo, Claudinei Antonio Dioné e Marcos Custódio Nekatschalow.

À todos os funcionários do departamento de Genética e Melhoramento de Plantas que possibilitaram a execução desse trabalho Dr. Claudio Roberto Segatelli, Aparecido, Berdan, Capela, Dinho, Fran, Haroldo, João, Miguelzinho, Sr. Miguel, Siqueira, Tadeu, Valdir, Zezinho, todos os outros e os diaristas. Em especial, a Zé Monteiro e equipe pela condução dos trabalhos no Anhembi.

Às secretárias do programa Léia e Neusa pela amizade, disponibilidade, colaboração e presteza. E a Glória pela revisão bibliográfica desse trabalho.

Aos colegas de laboratório, de excepcional safra pessoal, pelo grande aprendizado e convivência: Aliandra Medeiros, Flávia Amorim, Dr. Francisco Farias, Inocencio Oliveira,

Dr. Gilberto Yokomizo, Dr. Jair Unfried, Milena Araújo, Dr. Luís Antônio Silva, Philip Wysmiersky, Dra Regina Prioli, Dr. Walter Bernardi. Em especial, ao Inocencio pela disponibilidade constante e auxílio nas análises dos dados, Aliandra, Jair, Luis e Walter pela revisão final e a todos que leram e contribuíram. Aos estagiários do laboratório Bruno Anhê, Felipe Nasato e Jeferson Pestana.

Aos colegas de pós-graduação pela amizade e convivência Dr. Tassiano Câmara, Dr. Eder Oliveira Dra. Maria Carolina Quecine, Marcelo Molinari, Gabriel Margarido e a todos os colegas do curso, especialmente Maria Aparecida Santos pela amizade e revisão final do trabalho.

Aos colegas da Monsoy Marcos Norio Matsumoto, Dr. Giovani Abdias, Elsimar Silva, Cassiano Pegolo, Dr. João Borsoi Filho, Dr. Luis Alliprandini e a todos os outros pela amizade, compreensão e companheirismo.

Aos amigos de convívio em Piracicaba, em especial, Dr. Adilson de Oliveira Junior, Cris e Ana Luiza pela acolhida inicial.

Aos meus pais Fernando e Dolores, meus irmãos, Caio, esposa Ana Flávia e Camilinha; Tiago, esposa Cláudia e Tiaguinho; e minha irmã Dolores, sempre presentes na minha vida, pelo amor, equilíbrio, compreensão e incentivo. À Neli, especial agradecimento, pelo amor sempre dedicado a nossa família.

À bela cidade de Piracicaba, a noiva da colina, onde conheci o amor da minha vida. Minha esposa Mara Oliveira, companheira fiel e dedicada, pelo amor, força e auxílio.

SUMÁRIO

RESUMO.....	9
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	13
2 DESENVOLVIMENTO	15
2.1 Revisão de Literatura	15
2.1.1 Melhoramento de Soja no Brasil	15
2.1.2 Ferrugem asiática.....	17
2.1.3 Sintomatologia e epidemiologia.....	19
2.1.4 Controle.....	21
2.1.5 Resistência Genética.....	22
2.2 Material e Métodos.....	24
2.2.1 Linhagens genitoras	24
2.2.2 Cruzamentos	25
2.2.3 Avanço da Geração F_1	26
2.2.4 Experimentação da geração F_2	27
2.2.5 Experimentação da geração $F_{2:3}$	30
2.2.6 Grupo de maturação	34
2.3 Resultados e Discussão.....	35
2.3.1 Experimentação da geração F_2	35
2.3.1.1 Aspectos Gerais	35
2.3.1.2 Análise de Variância.....	36
2.3.1.3 Análise dialélica.....	38
2.3.2 Experimentação da geração $F_{2:3}$	41
2.3.2.1 Aspectos Gerais	41
2.3.2.2 Análises de variância.....	42
2.3.2.3 Reação dos genótipos à ferrugem asiática da soja	43
3 CONCLUSÕES	51
REFERÊNCIAS.....	53
ANEXOS	61

RESUMO

Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática

O trabalho iniciou um ciclo de seleção recombinação de linhagens tolerantes à ferrugem asiática, com o intuito de estimar parâmetros genéticos úteis aos programas de melhoramento, incrementar a tolerância e prever os cruzamentos mais promissores para extração de linhagens superiores. Foi realizado um dialelo completo, sem recíprocos, entre dez linhagens tolerantes à ferrugem, desenvolvidas pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas da ESALQ-USP. A geração F_2 foi avaliada em covas, sendo estimados parâmetros relacionados aos caracteres agrônômicos importantes, sem avaliação de reação à ferrugem. Na geração seguinte, progênies $F_{2:3}$ foram avaliadas em três ambientes, Anhembi, Areão e ESALQ. A reação à ferrugem foi medida por dois caracteres: notas de reação à ferrugem e diferença de produtividade de grãos (PG) em experimentos com fungicidas distintos. Os resultados evidenciaram que os genitores possuíam alelos de resistência à ferrugem que podem garantir o sucesso da seleção recorrente. A metodologia do contraste de fungicidas discriminou eficientemente os genótipos com tolerância dos genótipos com suscetibilidade. O número de dias para a maturidade influenciou nas notas de reação à ferrugem; então, o grupo de maturação dos genótipos foi estimado para melhor avaliar o comportamento das progênies. Com base nos parâmetros da capacidade geral de combinação para PG e da reação à ferrugem, o genitor USP 191-104-11 (10) apresentou maior potencial de gerar progênies promissoras. Os cruzamentos USP 02-16.045 (2) x USP 16.015 (4), USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6), USP 11-38 (5) x USP 97-10.046 (6) e USP 02-16.045 (2) x USP 191-104-11 (10), destacaram-se pelo maior número de progênies com alta PG e tolerantes ou moderadamente tolerantes à ferrugem asiática.

Palavras-chave: *Glycine max*, *Phakopsora pachyrhizi*; Grupos de Maturação; Melhoramento genético; Capacidade de combinação; Tolerância

ABSTRACT

Diallel among soybean rust tolerant parents

This work started a cycle of selection throughout crosses among soybean lines with tolerance against soybean rust. The objectives were to increment the plant tolerance, to estimate useful genetic parameters for soybean breeding programs and to predict the most promising crosses to extract high yielding lines. A complete diallel, without reciprocal, among 10 rust tolerant lines was performed. Those lines were developed by the Sector of Genetics Applied to Autogamous Species from ESALQ-USP. The F₂ generation was evaluated in hill plots and genetic parameters related to important agronomic traits were estimated, without evaluating the rust reaction. In the next generation, F_{2:3} progenies were evaluated in three environments, Anhembi, Areão and ESALQ. Rust reaction was evaluated throughout two main ways: according to the visual scores of rust reaction and contrasts in seed yield (PG) with fungicide experiments. The results showed that the parents have rust resistance alleles that can guarantee the success of the recurrent selection. The methodology of the fungicide contrasts efficiently discriminated the tolerant from the susceptible genotypes. The number of days to maturity influenced the rust reaction scores; so, the maturity groups of the genotypes were estimated for better evaluation of the performance of the progenies. According to the general combining ability (GCA) for yield and rust reaction, the parent USP 191-104-11 (10) has the highest potential to generate high yielding lines. The crosses USP 02-16.045 (2) x USP 16.015 (4), USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6), USP 11-38 (5) x USP 97-10.046 (6) and USP 02-16.045 (2) x USP 191-104-11 (10) exceeded due the higher number of progenies with high yield and with tolerance or moderate tolerance to asian soybean rust.

Keywords: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Maturity groups; Breeding; Combining ability; Tolerance

1 INTRODUÇÃO

A soja é a mais importante oleaginosa cultivada no mundo e um dos pilares do agronegócio brasileiro. O sucesso da cultura deve-se, em parte, aos caracteres adaptativos e produtivos da espécie, ao desenvolvimento de toda cadeia produtiva, aos avanços biotecnológicos e ao vasto complexo industrial destinado ao seu processamento; sendo, inclusive, importante fonte de combustíveis renováveis, de notória demanda crescente na atualidade.

A agricultura relacionada à soja caracteriza-se por ser altamente tecnificada, especialmente no que se refere à mecanização, o que possibilita o plantio de áreas extensas. Por vezes, essas áreas são de monocultura intensiva, havendo no máximo, sucessão de culturas. Este sistema favorece em demasia a disseminação de patógenos agressivos à cultura.

Nesse contexto, o fungo causador da ferrugem asiática, *Phakopsora pachyrhizi*, foi constatado no Brasil em 2001. A ferrugem prevalecente nas Américas, até então, era causada por outra espécie do mesmo gênero, de muito menor agressividade para a soja. Por se tratar de doença restrita a outro continente, o patógeno não coevoluiu com as cultivares semeadas no Brasil, havendo perdas altamente significativas e imediatas. Apesar disso, no início da constatação da doença, algumas cultivares demonstraram resistência ao patógeno, que não foi comprovada nas safras posteriores. Por conseguinte, muitos melhoristas recorreram a fontes de resistência oriundas de cultivares exóticas, principalmente Introduções de Plantas (PIs) asiáticas.

A resistência à ferrugem asiática é de natureza complexa. Foram descritos alguns genes de efeito principal responsáveis pela resistência ao patógeno. Contudo, para alguns desses genes, isolados do fungo já suplantaram essa resistência inicial do hospedeiro na dinâmica relação patógeno – hospedeiro.

Nos programas de melhoramento, a concorrência e a necessidade de resultados rápidos levam à prioridade de se trabalhar com resistência vertical. Entretanto, no patossistema ferrugem asiática – soja, esta pode não ser alternativa mais segura, em virtude da variabilidade do patógeno.

Para trabalhar com resistência horizontal é necessário mais tempo até a obtenção da nova cultivar. Inicialmente seria necessário identificar genótipos tolerantes ao patógeno; posteriormente, recombina-los e selecionar genótipos com combinação favorável de alelos de interesse. Para tanto, a seleção recorrente pode ser método eficaz no longo prazo.

O trabalho envolveu um ciclo de seleção, recombinao linhagens tolerantes à ferrugem asiática, com o intuito de incrementar a resistência horizontal, estimar parâmetros genéticos úteis aos programas de melhoramento e prever os cruzamentos mais promissores para extração de linhagens superiores.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão de Literatura

2.1.1 Melhoramento de Soja no Brasil

O Brasil é o segundo maior produtor de soja no mundo, com uma área cultivada de aproximadamente 21.728 milhões de hectares e produção de 57088 toneladas, o que equivale a 2.627 kg ha⁻¹ de média de produtividade (CONAB 2009). Os EUA são os maiores produtores, porém existe previsão da produção brasileira suplantará a americana em torno de dez anos.

A introdução desta oleaginosa no Brasil ocorreu no início do século XX e seu cultivo em escala comercial, ocorreu a partir da década de 1940 no Rio Grande do Sul, com uma expansão da área plantada na década de 1960, quando a soja passou a ser cultivada em rotação com o trigo; posteriormente com os incentivos para ocupação dos cerrados, a soja tornou-se um dos principais produtos agrícolas do País (ALVES, BODDEY e URQUIAGA, 2003).

O sucesso atribuído aos programas de melhoramento genético, notoriamente, é responsável por importante contribuição da ampla produção nacional. O desenvolvimento de cultivares mais produtivas, estáveis e adaptadas possibilitou o estabelecimento da soja como uma das principais culturas. Isso pode ser mensurado pela centena de cultivares desenvolvidas no país e disponibilizadas aos agricultores (ALMEIDA; KIIHL, 1998; CALVO; KIIHL, 2006)

As leis de patentes e de proteção de cultivares foram determinantes para o agronegócio nos últimos anos, possibilitando que se tivessem regras específicas para tratar de questões relacionadas à biologia molecular e engenharia genética. Os programas de melhoramento privado receberam expressivo aumento de investimento após a aprovação da lei de proteção de cultivares.

Os trabalhos iniciais de melhoramento foram desenvolvidos basicamente por institutos de pesquisa públicos como o Instituto de Pesquisa de Campinas e a Embrapa, posteriormente com a expansão da cultura e com a implantação da lei de proteção de

cultivares, grupos de pesquisa privados passaram a investir no desenvolvimento de cultivares. A soja é a cultura com maior número de registros de cultivares por espécie vegetal no Ministério da Agricultura. Atualmente constam mais de quatrocentos registros de cultivares diferentes de soja, distribuídos entre empresas privadas e públicas (MAPA, 2009).

A pesquisa genética contribuiu para melhorar diversos aspectos agronômicos da soja. Características importantes foram manipuladas geneticamente, como período juvenil longo, hábito de crescimento, ciclo de maturação, resistência a doenças e pragas, tolerância ao complexo de acidez do solo e fixação simbiótica de nitrogênio nas raízes. Especificamente a introdução do gene que condiciona período juvenil longo foi o fator crucial para o cultivo da soja no cerrado brasileiro. (TOLEDO et al., 1994)

Apesar dos progressos obtidos com o melhoramento genético e o número expressivo de cultivares comerciais registradas, constata-se que, a base genética da soja é estreita. Um alto grau de parentesco entre os cultivares brasileiros são relatados nos trabalhos de Vello, Hiromoto e Azevedo (1988) e Miranda et al. (2007). O estreitamento da base genética leva à uniformidade e como consequência, ao aumento de vulnerabilidade genética, principalmente aos estresses bióticos, sendo assim, a susceptibilidade às doenças, se caracteriza como um dos principais desafios para os melhoristas na atualidade.

Até o final da década de 1990, era comum o cultivo de lavouras de soja sem o uso de fungicidas (CALVO e KIIHL, 2006), isto devido em grande parte ao êxito dos programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares geneticamente resistentes. No entanto, as eventuais quebras das fontes de resistência disponíveis exigem constantes esforços dos melhoristas, no sentido de buscar novas fontes de resistência e introduzir essas características nas cultivares comerciais.

Sediyama et al. (1986) ressaltam que praticamente todos os métodos de melhoramento aplicados às espécies autógamas têm sido utilizados na soja. Entretanto no caso da seleção recorrente, a elevada taxa de endogamia, com os cruzamentos naturais raros, dificulta sua adoção na soja. Mesmo assim, os autores salientam a importância da técnica, especialmente no desenvolvimento de populações originadas de ampla base genética.

O trabalho de Hanson et al. (1967) é um dos pioneiros na execução da seleção recorrente em soja. Destaca-se a importância da variância genética aditiva, mas que devido à variabilidade epistática, o progresso pode ser menor do que se toda variabilidade fosse aditiva.

Vello et al. (2002) sugerem que o uso da seleção recorrente é recomendado por estabelecer diferentes combinações entre alelos múltiplos, aumentar a variância genética aditiva e originar combinações epistáticas entre poligenes envolvidos no controle da tolerância à ferrugem, da produtividade de grãos e dos caracteres adaptativos. Portanto pode ser estratégia eficiente no desenvolvimento de cultivares resistentes ou tolerantes à ferrugem asiática.

O excepcional desenvolvimento da biotecnologia gerou novas perspectivas aos programas de melhoramento. O auxílio de marcadores moleculares facilita a seleção, aumentando os ganhos genéticos e a eficiência. Novos genes vêm sendo manipulados e abrem perspectivas para novas conquistas. No entanto, para o sucesso dos programas de melhoramento continua sendo preponderante o trabalho de campo para seleção de novas cultivares mais produtivas e adaptadas às regiões edafoclimáticas.

2.1.2 Ferrugem asiática

Na literatura, constam relatos da ferrugem asiática, causada por *Phakopsora pachyrhizi*, desde 1899 na China (HINSON; HARTWIG, 1977). Em 1902, o fungo foi reportado no Japão (BROMFIELD; HARTWIG, 1980). A doença ficou restrita ao continente asiático e Oceania durante quase todo o século XX (LEVY, 2005).

Na década de 90, a ferrugem asiática atingiu os campos de produção da África, inicialmente em países fronteiriços ao continente asiático, e em 2001, o fungo foi diagnosticado na África do Sul; à época do surgimento da doença nesse país, todas as cultivares locais eram suscetíveis ao patógeno (CALDWELL; McLAREN, 2004; LEVY, 2005).

Nas Américas, a ferrugem asiática foi relatada pioneiramente e de forma isolada no Havaí, em 1994 (KILLGORE; HIEU, 1994). No Brasil, a ferrugem asiática era descrita na literatura, e tinha sido relatada em 1979 no estado de Minas Gerais

(DESLANDES, 1979), tendo se expandido para outras regiões produtoras (YORINORI, 1986). Porém, acredita-se que se tratasse de outra espécie do fungo *Phakopsora* (EMBRAPA SOJA, 2006). Esta distinta espécie, denominada *Phakopsora meibomiae*, causa a ferrugem americana; caracterizada por ser menos agressiva, causando poucos danos comerciais.

Nos estudos realizados por volta de 1980, considerava-se apenas uma espécie de ferrugem e diferentes populações de *Phakopsora*. No entanto, alguns autores da época, já detectavam diferença de patogenicidade entre os isolados americanos e asiáticos (FURTADO, 2007). Até que Ono et al. (1992) comprovaram a existência de duas espécies de ferrugem em soja isoladas no espaço, *Phakopsora pachyrhizi* no continente Asiático e Oceania, e *Phakopsora meibomiae* no continente americano. A principal diferença morfológica entre as duas espécies está na espessura das paredes das células dos teliosporos. Segundo Yorinori (2004) o único procedimento seguro para diferenciar as espécies de ferrugem é a análise de DNA. Atualmente, o relato mais aceito é a constatação de *Phakopsora pachyrhizi* no Brasil em 2001.

No Brasil, no ano posterior ao relato de 2001, a ferrugem asiática já atingiu 60% da área de soja plantada, com reduções na produção de 30 a 75% (YORINORI, 2004). Nos anos seguintes houve rápida disseminação do fungo que se encontra, atualmente, em todo território nacional. Contudo, as regiões onde a doença tem sido mais agressiva têm variado em função das condições climáticas (EMBRAPA SOJA, 2006).

Ainda em 2001, a ferrugem asiática foi constatada no Paraguai, Bolívia e Argentina (YORINORI, 2004). No Paraguai, no primeiro ano da constatação da ferrugem asiática, a doença já provocou séria desfolha com redução do ciclo de algumas cultivares em até 30 dias; a cultivar mais afetada nessas condições foi BR 16, com redução estimada de mais de 60% na produtividade (MOREL PAIVA et al., 2004).

Em 2007, houveram registros nos Estados Unidos, México e Canadá. Prejuízos consideráveis foram verificados em lavouras mexicanas. No entanto, nos Estados Unidos as perdas não têm sido significativas até o momento (USDA, 2008; YORINORI; YUYAMA, 2008).

2.1.3 Sintomatologia e epidemiologia

Os sintomas da ferrugem asiática podem aparecer em qualquer estágio do desenvolvimento da planta. Lesões são mais comuns na base e nas bordas dos folíolos das folhas inferiores das plantas, as mais velhas; nessas áreas há maior umidade e microclima favorável à germinação, penetração e infecção dos tecidos foliares. A lesão inicial caracteriza-se por minúsculos (máximo de 1 mm de diâmetro) pontos mais escuros que o tecido sadio da folha, com correspondente protuberância na face abaxial. Esta saliência é característica da urédia causada pelo *Phakopsora pachyrhizi*, e adquire cor castanho-clara a castanho-escuro. Nas urédias estão contidos os uredósporos, que são os esporos liberados e carregados pelo vento, responsáveis pelo início do processo de infecção (EMBRAPA SOJA, 2006; YORINORI; YUYAMA, 2008).

O diagnóstico dos sintomas da ferrugem asiática pode ser realizado posicionando a folha contra o sol ou um fundo claro; a identificação do patógeno nas lavouras também é facilitada pelo uso de lupa de mão, com aumento de 20 a 30 vezes (EMBRAPA SOJA, 2006; YORINORI; YUYAMA, 2008). Se persistirem dúvidas quanto à identificação, pode-se coletar folhas suspeitas e acondicioná-las em saco plástico antes que murchem; para garantir umidade alta, deve-se borrifar água sobre as folhas e as deixar incubadas por um período de 12 a 24 horas. Após este período, observar a presença de pústulas nas folhas suspeitas (EMBRAPA SOJA, 2006).

Os sintomas da ferrugem asiática podem ser confundidos com os da septoriose, cretamento bacteriano e da pústula bacteriana especialmente no início da infecção. A diferença está na presença do halo amarelado, ao redor das pontuações, características das três doenças e ausente na ferrugem (BROGIN, 2005; EMBRAPA SOJA, 2006; YORINORI; YUYAMA, 2008). No campo, a septoriose é a doença que mais se assemelha à ferrugem.

Na ferrugem asiática, à medida que aumenta a quantidade de lesões, ocorre amarelecimento generalizado das folhas e, conseqüentemente, aceleração da desfolha prematura; se as condições ambientais forem favoráveis à doença, o processo é rápido. Com isso, reduzir-se-á o número de vagens por planta, o número de grãos por vagem, o tamanho e peso dos grãos. As perdas na produtividade variam em função da

intensidade da infecção e da fase em que ocorrem os primeiros sintomas; quanto mais precoce for a ocorrência da doença na lavoura, maiores serão os danos e as perdas (YANG et al., 1991; YORINORI; YUYAMA, 2008).

Para que ocorra a ferrugem asiática é necessária a presença de umidade nas folhas por período mínimo de seis horas, associados à alta umidade relativa do ar. Sob condições favoráveis, a germinação dos uredósporos nas folhas ocorre entre uma e duas horas; as primeiras lesões nas folhas são visíveis em quatro a cinco dias; e as primeiras pústulas entre cinco e seis dias após a inoculação. As temperaturas médias para o desenvolvimento da doença variam entre 18 a 26°C (YORINORI; YUYAMA, 2008).

Alves et al. (2006), em experimentos realizados com a cultivar BRS 154 no Brasil, relatam que o fungo necessita de, no mínimo, seis e, no máximo, vinte e quatro horas de água livre na folha para infectar o tecido da planta; a faixa de temperatura ideal variou de 15-25°C, sendo 23°C a temperatura ótima. O período latente diminuiu conforme o aumento da temperatura. Em 10, 20 e 28°C o período latente foi de 30, 10 e 12 dias, respectivamente.

Depois de estabelecida a infecção, a temperatura na faixa de 23 a 30°C, não influencia os parâmetros frequência de infecção, severidade e período latente. Temperaturas constantes maiores ou iguais a 35°C impedem a colonização do fungo, mesmo se o processo de infecção for iniciado em temperaturas ideais (ALVES, 2007).

Shanmugasundaram et al. (2004) também destacam a importância da alta umidade no desenvolvimento da doença. Além disso, variações ambientais, seja pelo ano agrícola, época de semeadura ou local, influenciam demasiadamente nos danos decorrentes da doença, mais até do que as concentrações dos inóculos, que podem não refletir a severidade da doença.

Para Tschanz (1984) chuvas regulares favorecem o desenvolvimento da doença. Em períodos de pouca precipitação pluviométrica, o início da doença foi mais tardio, com conseqüente redução da taxa de desenvolvimento. Já em locais com pluviosidade freqüente, a doença ocorreu precocemente e teve evolução rápida. Furtado (2007) salienta ainda que a interrupção do molhamento foliar após a germinação dos

urediniósporos, mesmo que por período de uma hora, impediu que o fungo completasse a infecção.

Bergamim Filho (2006) argumenta que uredósporos de *Phakopsora pachyrhizi* tendem a permanecer firmemente juntos, não sendo liberados facilmente pela ação isolada do vento. Já gotas de chuva tendem a liberar esses esporos, disseminando-os.

Já Yorinori e Yuyama (2008) ressaltam que através da dispersão dos uredósporos pelo vento, principalmente em dias secos e sem umidade nas folhas, o fungo pode atingir longas distâncias e provocar grandes epidemias. Como exemplo, destaca-se que na safra 2002/03 foram encontrados esporos de ferrugem em áreas com o primeiro ano de cultivo de soja, como no vale do Xingu.

Dois tipos principais de lesões são descritos na literatura, sendo diferenciados com base na coloração e no desenvolvimento das urédias. A lesão de coloração palha com urédias em esporulação é denominada TAN (“tanish”); já a lesão de cor marrom-avermelhada, caracterizada por necrose ao redor da lesão em virtude da reação de hipersensibilidade é denominada RB (“reddish-brown”) O tipo de lesão é associado à reação da planta ao fungo, ou seja, TAN indica suscetibilidade e RB resistência (BROMFIELD, 1984; YORINORI e YUYAMA, 2008)..

2.1.4 Controle

Os fungicidas recomendados para este controle apresentam eficácia variada, entretanto, no campo, se houver baixa pressão de inóculo, não se observa diferenças significativas. A dissimilaridade entre os produtos é notada, principalmente, em condições severas do ataque do patógeno (EMBRAPA SOJA, 2007).

Os prejuízos relacionados à ferrugem asiática incentivaram o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) a coordenar um consórcio anti-ferrugem, a partir de 2004. Este projeto consta de um site, suprido de pesquisas técnicas geradas por laboratórios credenciados, que informa a ocorrência e evolução da doença por safra agrícola (MAPA, 2008).

Como não há evidências da disseminação do fungo por sementes, apenas pelo vento, acredita-se que parte da dificuldade do controle seja em decorrência da

entressafra nas regiões produtoras. Levantamentos realizados nas entressafras no Mato Grosso mostraram que as pontes verdes foram responsáveis pelo surgimento precoce do fungo nas lavouras. Esses cultivos permitiram a contínua sobrevivência e multiplicação do patógeno no campo, obrigando os produtores a iniciarem as pulverizações entre 18 e 30 dias após a semeadura.

Diante disso, o MAPA publicou instrução normativa instituindo o “vazio sanitário”. Em quase todas as regiões produtoras é obrigatório a não produção de soja, durante aproximadamente três meses, correspondentes a entressafra, variando as datas de acordo com o Estado. Para tanto, é importante que o controle da soja guaxa (voluntária) nas lavouras seja eficiente. No Mato Grosso, já na safra 2006/07, essa medida reduziu uma aplicação de fungicida nas lavouras semeadas na safra (YORINORI; YUYAMA, 2008; MAPA, 2008).

Zambolim (2006), relatando sobre a eficácia do vazio sanitário, alerta para o risco de soja transgênica e dos hospedeiros alternativos serem importantes fontes de inóculo. No caso dos transgênicos, há necessidade da aplicação de herbicida dessecante com princípio ativo compatível para eliminar essas plantas.

Como hospedeiros alternativos destaca-se o kudzu (*Pueraria lobata*) que se encontra em praticamente todo o continente americano e onde já se observou severas infestações do fungo (MOREL PAIVA et al., 2004; ZAMBOLIM 2006). Kato e Yorinori (2006) também descrevem as seguintes leguminosas como suscetíveis à doença: *N. wightii*, *C. cajan*, *C. mucumoides*, *D. tortosum*, *L. purpureus*, *M. atropurpureum*, *P. sativum* e *P. phaseoloides*. *Erythrina herbacea* foi recentemente descrita como hospedeira alternativa nos EUA (USDA, 2008).

2.1.5 Resistência Genética

A resistência das plantas aos patógenos pode ser horizontal ou vertical. Do ponto de vista epidemiológico, a resistência vertical é eficiente apenas contra algumas raças do patógeno. Esta caracteriza-se por poucos genes com efeito principal serem responsáveis pela reação do hospedeiro; em uma doença que prevaleça várias raças do patógeno, a infestação inicial é atrasada. Por outro lado, a resistência horizontal

prevalece contra todas as raças do patógeno, embora tenha magnitude variável; nesse caso muitos genes controlam a resistência, ativando os mecanismos de defesa da planta (CAMARGO; BERGAMIM FILHO, 1995).

Na literatura, já foram comprovados cinco genes com efeito principal na resistência à ferrugem asiática, sendo eles Rpp1, Rpp2, Rpp3 Rpp4. e rpp5. Como a resistência vertical submete o fungo à intensa pressão de seleção, espera-se que o patógeno coevolua, suplantando essa resistência ao longo do tempo. Já foram confirmadas quebras da resistência conferidas pelos genes Rpp1 e Rpp3 no Brasil; Rpp2 e Rpp4 na Ásia, sendo que no caso do Rpp4, após 20 anos (BROMFIELD; HARTWIG, 1980; McLEAN; BYTH, 1980, HARTWIG; BROMFIELD, 1983; HARTWIG, 1986; CALVO et al. 2008; GARCIA et al. 2008).

Yorinori et al. (2009) ressaltam que a resistência genética não será duradoura se não houver contínuo esforço para a redução das fontes de inóculo da entressafra e das plantas *guaxas*. Isto se deve à versatilidade do fungo. Para tanto, exemplificam que as PI 594760 A e PI 587916 B, consideradas fontes de resistência, apresentaram lesões TAN, com abundante esporulação, a nova raça do fungo. E são resistentes a raça tradicional responsável pelas grandes perdas no Brasil. Com isso, sugerem o uso de fungicidas em variedades resistentes ou tolerantes como forma de diminuir o inóculo e aumentar a vida útil das cultivares resistentes.

Li et al. (2006) destaca que a resistência horizontal, provavelmente, está intimamente ligada a vertical, podendo inclusive, ser governada por genes de resistência vertical que já foram quebrados.

Mesmo assim, teoricamente, a resistência horizontal tende a ser mais duradoura, já que é baseada em vários genes. Como a resistência à ferrugem asiática é condicionada por poligenes com efeitos pequenos e cumulativos, a médio e longo prazo, uma estratégia recomendada para incrementar a resistência horizontal seria a seleção recorrente (VELLO et al., 2002).

A resistência vertical é facilmente utilizada em programas de melhoramento genético, devido ao fato de ser condicionada por genes com efeito principal. A transferência destes de um genótipo a outro é obtida através de cruzamentos. No entanto, este tipo de resistência é mais vulnerável à reação do patógeno, que possui

meios de geração de variabilidade genética (mutações e recombinação), tornado a resistência raça-específica pouco durável. A identificação e a utilização da resistência horizontal em programas de melhoramento tem sido limitada em função das dificuldades relacionadas com a avaliação fenotípica e da incorporação desta resistência nos programas de melhoramento. Essas dificuldades levam ao desenvolvimento de estratégias para selecionar genótipos que são definidos como tolerantes ou de produção estável a despeito da infestação por determinado patógeno (MARTIELLO, BARBIERI, CARVALHO, 1997).

Tolerância foi definida por Schafer (1970) como a capacidade da planta em não sofrer perdas significativas de produtividade e qualidade mesmo apresentando sintomas da doença. Segundo Camargo e Bergamim Filho (2005) fenotipicamente a planta tolerante pode ser semelhante a suscetível, mas apresenta produtividade comparável à de uma planta sadia. Plantas tolerantes são suscetíveis a infecção, disseminação e colonização do patógeno, mas suportam o impacto da doença. A natureza dos mecanismos de tolerância não é bem elucidada (SINGH, 1986).

No Brasil, até o momento, a FUNDAÇÃO MT disponibilizou as primeiras cultivares geneticamente resistente à ferrugem asiática. No entanto a safra 2009/10 vai ser o primeiro ano de plantio comercial das cultivares, onde será possível avaliar seu desempenho (FUNDAÇÃO MT, 2009).

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Linhagens genitoras

Para a execução deste trabalho, no segundo semestre de 2005, foram selecionadas as linhagens mais tolerantes à ferrugem asiática do germoplasma desenvolvido pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (SGAEA), Departamento de Genética, ESALQ, USP, com base em dados obtidos nas safras 2002/03, 2003/04 e 2004/05 (Unfried, 2007; Araújo, 2009). Foram selecionadas dez linhagens experimentais tolerantes à ferrugem para compor um dialelo completo sem recíprocos (Tabela 1).

Certos ancestrais das linhagens experimentais possuem genes para resistência à ferrugem asiática descritos na literatura. O genótipo PI 230970 contém Rpp2 (HARTWIG; BROMFIELD, 1983); alguns autores apontam até para a presença de mais de um gene de resistência neste genótipo (TSCHANZ et al., 1983). A cultivar FT-2 apresentou-se como resistente no início da constatação da ferrugem no Brasil (YORINORI et al., 2005; BROGIN, 2005; YORINORI; YUYAMA, 2008). No genótipo Tainung 4, acredita-se na presença de diferentes genes de resistência (BROMFIELD; MELCHING, 1982; SHANMUGASUNDARAM et al., 2004).

Os programas desenvolvidos pelo SGAEA caracterizaram-se pela seleção de genitores que contivessem genes para cada objetivo específico. Além disso, com o intuito de se trabalhar com genótipos divergentes, estes programas envolveram genótipos representativos do Brasil, EUA, China e Japão.

Alguns desses ancestrais orientais das linhagens experimentais, como Tainung 4, PI 230970 e Hakucho, conferiram tolerância à ferrugem asiática a seus descendentes em experimentos realizados na ESALQ (ARAÚJO, 2009; UNFRIED, 2007). Isso indica a grande importância da variabilidade genética nos programas de melhoramento. A existência dessa variabilidade permitiu a avaliação de genótipos que coevoluíram com o patógeno.

2.2.2 Cruzamentos

Na safra 2005/06, as dez linhagens genitoras selecionadas foram hibridizadas em dialelo completo, sem recíprocos, perfazendo um total de 45 cruzamentos biparentais.

Semearam-se os genitores em canteiros abertos para observação de suas características fenotípicas e aproveitamento eventual de flores para uso como machos nas hibridações.

Para a realização dos cruzamentos, os genitores foram semeados em casa de vegetação e telado. Utilizaram-se oito épocas de semeadura no telado e quatro na casa de vegetação, havendo coincidência de duas épocas, totalizando dez épocas de semeadura. No telado iniciou-se a semeadura em 26/09/2005 e a cada semana foram

realizadas as subseqüentes. Na casa de vegetação, o primeiro plantio foi realizado em 05/12/2005, sendo também utilizados intervalos de sete dias entre as épocas.

Sempre que possível, marcadores fenológicos foram observados no momento de decidir qual seria o genitor feminino, a fim de identificar precocemente o sucesso da hibridação. Neste caso, observou-se principalmente cor da flor e da pubescência; o genitor feminino era prioritariamente portador de alelos recessivos, flor branca ou pubescência cinza. Em média, foram realizadas aproximadamente 50 hibridações para cada cruzamento biparental.

2.2.3 Avanço da Geração F₁

As sementes dos possíveis cruzamentos foram semeadas em junho de 2006 para obtenção da geração F₂. Para três combinações, foram obtidas somente quatro vagens, mas em geral, semeou-se no mínimo seis e, no máximo, dez vasos por combinação. Cada vaso tinha apenas uma planta.

Para a condução da geração de inverno utilizou-se casa de vegetação coberta com plástico e outra de alvenaria com vidros. Na primeira, as condições foram controladas, podendo-se regular luz (fotoperíodo), umidade, irrigação e temperatura; no caso da temperatura, só foi possível reduzi-la, através de ventiladores, quando esta passava do máximo considerado (25°C). Já na casa de vegetação de alvenaria havia um *timer* controlador da luz e a irrigação foi feita diretamente nos vasos.

As sementes F₁ foram distribuídas entre as duas casas de vegetação, de maneira a manter os cruzamentos com menos sementes, prioritariamente, na casa de vegetação, que tinha melhor controle. Mesmo assim, nessa foi possível semear, no mínimo, cinco vasos de cada cruzamento. No total, foram semeados 288 vasos na casa de vegetação de plástico e 129 vasos na de alvenaria. Neste número, também se incluiu alguns vasos de genitores, a fim de garantir sementes com boa germinação para os experimentos vindouros.

2.2.4 Experimentação da geração F_2

Em 11 de novembro de 2006 na ESALQ, foi realizada a semeadura da geração F_2 em covas; espaçadas de 0,8 x 0,8 m, sendo semeadas até oito sementes por covas, com posterior desbaste, deixando-se uma planta por cova, que consiste no método SHDT (Single Hill Descent Thinned), proposto por Vello (1992). Cada parcela experimental correspondeu a 12 covas. Portanto, na geração F_2 foi possível identificar segregações de caracteres fenotípicos de fácil visualização; fato que auxiliou na confirmação dos cruzamentos.

O solo foi arado e gradeado de acordo com um sistema de cultivo convencional. A adubação mineral foi de 400 kg.ha⁻¹ do formulado comercial 4-20-20 (N, P₂O₅ e K₂O), diretamente no sulco. Após a área ter sido adubada e riscada, a semeadura foi feita manualmente. Os tratos culturais empregados seguiram recomendações técnicas para maximizar a produtividade, incluindo-se controle total da ferrugem asiática nessa geração, com o objetivo de se obter produção de sementes suficiente para avaliação da reação à ferrugem na geração subsequente.

O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com seis repetições. Portanto, cada cruzamento foi representado por 72 plantas F_2 . A área de uma cova (0,8 m x 0,8 m) era de 0,64 m². Como a parcela tinha 12 covas, resultou em uma área de 7,62 m². Havia 45 cruzamentos e 10 genitores para serem avaliados, o que resultou em um total de 422,4 m² por repetição. Devido à extensão, esta área foi considerada propensa a ter desuniformidade, razão pela qual o bloco foi subdividido em conjuntos experimentais. Cada conjunto constituiu-se de quatro testemunhas comuns: IAC 100, BRS 133, Conquista (MG/BR-46 Conquista) e BR 16, cinco genitores por conjunto, e 22 ou 23 cruzamentos. No conjunto que apresentava 22 cruzamentos, optou-se por usar um enchimento, para facilitar o plantio no campo. Logo, cada conjunto continha 32 parcelas, ocupando área experimental de 245,76 m². Assim, as testemunhas comuns permitiram avaliar a uniformidade dos blocos e, caso necessário, proceder ao ajuste (Figura 1).

Os tratamentos foram sorteados dentro de cada conjunto e a ordem dos conjuntos também foi aleatorizada dentro de cada repetição. No total, foram semeadas 384 parcelas distribuídas em 4608 covas.

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- 1) Altura da planta na maturidade (APM) – altura mensurada quando as plantas se encontravam na maturidade plena; medindo-se a distância (cm) do colo da planta até a inserção da vagem mais distal da haste principal.
- 2) Valor agronômico (VA) – avaliado na maturidade, com escala visual de notas, variando de 1,0 (plantas inadequadas agronomicamente) a 5,0 (plantas excepcionais agronomicamente); trata-se de um caráter subjetivo, que reúne em um índice visual os atributos observados na planta da cova, em termos de indicadores de produtividade e adaptação.
- 3) Número de dias para maturidade (NDM) – compreendeu o período entre a semeadura e a data em que a planta atingiu o estágio R_8 (FEHR; CAVINESS, 1977).
- 4) Produtividade de grãos (PG) – peso dos grãos de cada plantas (g), após secagem natural dos grãos em local ventilado e à sombra, até umidade próxima de 13%.

Inicialmente procedeu-se a avaliação dos dados para determinar a necessidade de ajuste, pela análise de variância das testemunhas comuns dentro dos conjuntos experimentais. Com isso, testou-se a uniformidade ambiental dentro dos conjuntos. Caso houvesse desuniformidade, as progênies e genitores teriam seus valores ajustados pelas testemunhas comuns. Essa abordagem foi usada por Silva (2008) e se assemelha ao delineamento de blocos aumentados de Federer (1956). Para esta análise utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + t_i + c_k + (tc)_{ik} + r_j + e_{ijk}$$

Em que:

y_{ijk} : é o valor observado referente à testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j;

μ : é o efeito fixo da média geral das testemunhas;

t_i : é o efeito fixo da testemunha i, sendo (i = 1, 2, 3 e 4);

c_k : é o efeito aleatório do conjunto k, sendo (k = 1, 2,..., 12);

$(tc)_{ik}$: é o efeito da interação testemunha i com o conjunto k;

r_j : é o efeito aleatório da repetição j, sendo (j = 1, 2,..., 6);

e_{ijk} : é o efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu a testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j; admite-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

Se constatado que as fontes de variação de *conjuntos* e / ou da interação *testemunhas x conjuntos* fossem significativas, haveria a necessidade de se fazer o ajuste das médias. Para tanto, foi obtido um índice de correção calculado para cada conjunto, obtido da diferença da média das testemunhas em dado conjunto e a média geral das testemunhas. Essa correção ambiental foi feita com todas as progênies e genitores de cada conjunto (PIMENTEL GOMES, 2000).

Com as médias ajustadas, caso necessário, as análises de variância foram realizadas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com mais de uma planta avaliada por parcela:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + e_{(ij)} + d_{(ij)k}$$

Em que:

y_{ijk} : é o valor observado referente à planta k do genótipo i, na repetição j;

μ : é o efeito fixo da média geral do experimento;

g_i : é o efeito fixo do genótipo i, sendo (i = 1, 2, ... 59);

r_j : é o efeito aleatório da repetição j, sendo (k = 1, 2, ..., 6);

$e_{(ij)}$: é o efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu o genótipo i na repetição j ; admite-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

$d_{(ij)k}$: é o efeito aleatório da planta k dentro da parcela ij , sendo ($k= 1, 2, \dots, 12$).

Após a obtenção da média dos cruzamentos para PG procedeu-se a análise dialélica, de acordo com o modelo de Griffing (1956), método 2, já que o experimento incluiu apenas os genitores e os cruzamentos sem os recíprocos. Como os genitores foram selecionados deliberadamente, os efeitos dos tratamentos são fixos, sendo adequado o modelo misto B. Segundo esta metodologia, estima-se as capacidades gerais de combinação (CGC) e as capacidades específicas de combinação (CEC). O efeito da CGC está relacionado a genes de efeitos aditivos, enquanto a CEC aos efeitos não aditivos. Se a CEC for não significativa, os cruzamentos se comportam de acordo com o que estava previsto pela CGC (FREIRE FILHO, 1988; CRUZ; REGAZZI, 2001).

2.2.5 Experimentação da geração $F_{2:3}$

A geração $F_{2:3}$ foi avaliada em três locais com as seguintes datas de semeadura: 14/11/2007 na ESALQ; 20/11/2007 no Anhembi; e 26/11/2007 no Areão. Os experimentos foram semeados no máximo de locais possíveis para maximizar a probabilidade da ocorrência da doença.

A geração $F_{2:3}$ foi semeada em fileiras de 2,0 m x 0,5m, separadas por um corredor de 1,0 m. Cada progênie $F_{2:3}$ originou-se de uma planta F_2 . Com base na quantidade de sementes e na área disponível foi possível utilizar 28 plantas da geração F_2 de cada um dos 45 cruzamentos.

Em cada local, foram feitos quatro experimentos: dois tipos de genótipos (cruzamentos e genitores) e dois tipos de aplicações de fungicidas (Derosal e Opera & Impact Duo). Portanto, em 2007/08, foram conduzidos 12 experimentos.

Os seis experimentos com progênies $F_{2:3}$ foram delineados em blocos aumentados de Federer (sem repetição), sendo cada experimento (bloco) subdividido em sete conjuntos experimentais, cada um deles contendo as mesmas quatro testemunhas comuns do ano anterior (IAC 100, Conquista, BR 16 e BRS 133). Cada

conjunto experimental compreendeu fileiras oriundas de quatro plantas F_2 aleatórias dos 45 cruzamentos e quatro fileiras das testemunhas comuns. Portanto, havia 184 tratamentos em cada conjunto experimental, o que equivale a 276 m² de área, considerando 1,5 m²/parcela (Figura 2).

Para evitar aumentar demasiadamente a área de cada conjunto experimental optou-se por testar os genitores em experimentos separados. Para tanto, utilizou-se delineamento de blocos ao acaso com sete repetições; cada bloco continha os dez genitores e as quatro testemunhas comuns. Essas testemunhas comuns permitirão comparações dos genitores com os cruzamentos.

Em cada local foram conduzidos dois experimentos, cada um com aplicação de determinados fungicidas, com o intuito de se isolar o efeito da ferrugem asiática, conforme descrito a seguir:

- a) Derosal 500 SC (Carbendazim, 0,5 L/ha; Bayer) – controla as doenças de final de ciclo, sendo ineficaz ao fungo causador da ferrugem asiática;
- b) Opera (Epoconazole, 0,5 L/ha; Basf) e Impact Duo (Flutriafol e Tiofanato metílico, 0,6L/ha; Cheminova) – realizaram-se duas aplicações de Opera e uma ou duas de Impact Duo para controlar a ferrugem asiática e as doenças de final de ciclo simultaneamente.

As aplicações iniciaram-se em R_1 ou R_2 , sem a constatação da ferrugem nas lavouras, e respeitou-se o período de carência dos produtos (em torno de 20-25 dias). A última aplicação foi realizada, no mínimo, 110 dias após o plantio. O contraste entre os dois experimentos de fungicidas isola o efeito da ferrugem asiática, tal qual o trabalho de Araújo (2009), Medeiros (2009) e Unfried (2007).

Por conseguinte, cada experimento de fungicida com progênies $F_{2:3}$ envolveu 1288 parcelas (184 parcelas x 7 conjuntos), enquanto que com genitores totalizou 98 parcelas (14 parcelas x 7 blocos). Somando-se os experimentos com progênies $F_{2:3}$ e genitores obteve-se 1386 parcelas para cada tipo de fungicida e local. Reunindo-se os dois tipos de fungicidas obteve-se 2772 parcelas por local. No total dos três locais, foram semeadas 8316 parcelas.

Após a análise das testemunhas comuns dentro do experimento de progênies se determinou a necessidade de ajustar as médias das progênies pelas testemunhas comuns, como descrito na geração F_2 .

Os experimentos foram analisados em esquema fatorial para avaliar o efeito dos fungicidas, locais e genótipos.

Os seguintes caracteres foram avaliados:

1. Notas de ferrugem (NF) – notas variando de 1 (ausência de doença) a 7 (folha com no mínimo 78% de área infectada), baseando-se na escala diagramática proposta por Godoy et al. (2006). Foram realizadas três avaliações e depois calculada a média das avaliações: Notas de Ferrugem 1 (NF1), Notas de Ferrugem 2 (NF2), Notas de Ferrugem 3 (NF3) e Média das Notas de Ferrugem (MNF). O início das avaliações dependeu da constatação da doença. A primeira avaliação ocorreu aos 96 dias, após o plantio, na ESALQ, 98 dias no Anhembi e 104 dias no Areão. Os intervalos entre as avaliações foram de 7 a 8 dias, exceto para o intervalo entre NF1 e NF2 na ESALQ, que foi de 10 dias. Cada avaliação levava 1 dia para ser realizada, exceto a primeira, NF1 na ESALQ.
2. Altura da planta na maturidade (APM) – média da parcela quando as plantas se encontravam na maturidade plena, medindo-se a distância (cm) do colo da planta até a inserção da vagem mais distal da haste principal.
3. Valor agrônômico (VA) – avaliado na maturidade, com escala visual de notas, variando de 1,0 (plantas inadequadas agronomicamente) a 5,0 (plantas excepcionais agronomicamente); trata-se de caráter subjetivo, que reúne em um índice visual os atributos observados na parcela em termos de indicadores de produtividade e adaptação.
4. Número de dias para a maturidade (NDM) – compreendeu o período entre a semeadura e a data em que a parcela atingiu o estágio R_8 (FEHR; CAVINESS, 1977).
5. Acamamento (AC) – nota visual variando de 1 (todas as plantas eretas na parcela) a 5 (todas as plantas tombadas na parcela).

6. Produtividade de grãos (PG)– peso de grãos (g) das plantas da parcela, após secagem natural dos grãos em local ventilado e à sombra, até umidade próxima de 13%.
7. Efeito ferrugem (EF) – diferença entre a produtividade do genótipo no experimento com aplicação do fungicida Derosal menos a produtividade do genótipo no experimento com aplicação dos fungicidas Opera & Impact Duo.

O contraste de fungicidas foi feito entre a PG dos genótipos no experimento de fungicida Derosal subtraindo-se pela PG dos genótipos no experimento dos fungicidas Opera & Impact Duo. Esta diferença estima o efeito da ferrugem, pois contrasta a produtividade dos genótipos na presença e na ausência da doença. Valores negativos representam perda de produtividade. Nesse caso, a metodologia foi contrária à adotada por Unfried (2007), Araújo (2009) e Medeiros (2009).

Para caracterização completa da reação à ferrugem asiática foi desenhado um gráfico incluindo em um eixo o contraste da produtividade de cada progênie entre os dois tratamentos de fungicidas e no outro eixo as notas de ferrugem. As progênies que mantiveram a produtividade constante na ausência e presença do patógeno são as mais tolerantes ou moderadamente tolerantes e, portanto, devem ter mais alelos de interesse (Figura 3).

O efeito ferrugem avaliado concomitantemente com as notas de ferrugem permitiram estabelecer quatro quadrantes (Figura 3), onde os genótipos foram classificados como:

- Tolerantes (T) – menor EF e menor MNF.
- Moderadamente Tolerantes (MT) – menor EF e maior MNF.
- Moderadamente suscetíveis (MS) – maior EF e menor MNF.
- Suscetíveis (S) – maior EF e maior MNF.

Esta representação gráfica teve algumas diferenças quando comparada com o sistema usado por Araújo (2009). Os quadrantes aqui representados como tolerante e moderadamente tolerante corresponderam respectivamente aos quadrantes

identificados como moderadamente resistente e tolerante por Araújo (2009). As notas altas de reação à ferrugem e ausência de lesões RB indica a não predominância de genes de efeito principal entre os mecanismos de reação à doença apresentados pelos genótipos. O uso da terminologia tolerante / moderadamente tolerante teve o intuito de distinguir os genótipos que não perderam em produtividade na presença do patógeno, sendo tolerantes os com menor sintomas de esporulação e moderadamente tolerantes os que apresentaram maiores sintomas de esporulação.

2.2.6 Grupo de maturação

O grupo de maturação (GM) das cultivares de soja é importante, pois é um indicativo da melhor região de adaptação da cultivar. Portanto os produtores podem ter noção do comportamento do ciclo das cultivares, através do grupo de maturação.

Alliprandini et al. (2009) vem desenvolvendo um trabalho contínuo para determinação do grupo de maturação das principais cultivares brasileiras de soja. Para tanto, semeia-se todo ano as principais cultivares em diversos locais, o que possibilita testar os efeitos de ano, locais, latitudes, na variação do ciclo das cultivares.

Para estimar os grupos de maturação em genótipos com GM desconhecido, deve-se utilizar o comportamento conhecido das cultivares determinadas pelo trabalho de Alliprandini et al. (2009). Para tanto, determina-se uma equação de regressão entre o GM das cultivares padrões estabelecidas e os valores de NDM obtidos pelos experimentos realizados. Essa equação possibilita inferir o GM dos genótipos desconhecidos, substituindo a variável equivalente ao NDM pelos valores obtidos pelos experimentos.

A tabela com os valores dos GMs das testemunhas comuns para estimar o GM das progênes foi obtida diretamente com Alliprandini (2009 – informação pessoal) por ser mais atualizada do que a apresentada no trabalho.

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Experimentação da geração F_2

2.3.1.1 Aspectos Gerais

As plantas apresentaram bom desenvolvimento na geração F_2 , indicando que o experimento foi semeado em área representativa e adequada. A irrigação foi efetuada sempre que necessário e o controle preventivo de doença na geração F_2 , efetivamente controlou possíveis perdas decorrentes de patógenos. Ressalta-se que na geração F_2 não foi possível analisar a reação dos cruzamentos à ferrugem, uma vez que o experimento recebeu pulverizações dos fungicidas Opera e Impact Duo para controlar os patógenos e, assim, produzir o máximo de sementes possíveis, viabilizando a análise dialélica na geração seguinte. O experimento foi semeado na época indicada para soja na região de Piracicaba.

Em função do maior espaçamento entre plantas, o controle de plantas daninhas foi mais difícil de realizar do que em plantios comerciais, sendo, eventualmente, necessário capinar manualmente o experimento.

As covas foram semeadas individualmente, para posterior desbaste, deixando apenas uma planta por cova (VELLO, 1992; ALLIPRANDINI; VELLO, 2004). Por ocasião do desbaste, promoveram-se também eventuais transplantes de plantas entre covas próximas dentro de cada parcela, nos casos eventuais de falha total da cova. Isso garantiu que inicialmente todas as covas possuísem uma planta. Cada cova de planta F_2 foi colhida e trilhada individualmente.

Eventuais autofecundações foram detectadas na segregação das plantas F_2 para caracteres morfológicos. Como cada parcela proveio de uma planta F_1 , esperava-se a segregação de caracteres fenotipicamente distinguíveis, caso o loco estivesse em heterozigose. Isso possibilitou o descarte de algumas parcelas originadas de autofecundação que não foram identificadas na geração anterior. Ao todo foram eliminadas sete parcelas, sendo três do cruzamento USP 04-18.032 (1) x USP 97-08.135 (3). Nesse caso específico, foram cruzadas linhagens com pubescência cinza e

marrom. Como nenhuma planta dessas parcelas eliminadas apresentou pubescência cinza nas covas e estas vieram de uma mesma planta F_1 , essas plantas foram descartadas por serem consideradas oriundas de autofecundação.

Ocorreram também combinações de genitores fenotipicamente semelhantes, tais como mesma cor de flor, pubescência e baixa variação na coloração de hilo. Nesse caso, os cruzamentos eram entre genitores com grupos de maturação distintos, originando progênies com variação no ciclo; as parcelas com plantas semelhantes entre si em ciclo também foram consideradas autofecundações.

2.3.1.2 Análise de Variância

A tabela 2 contém os resultados da análise de variância das testemunhas, necessário para o ajuste dos conjuntos, conforme proposto por Federer (1956). Para tanto, neste procedimento testa-se apenas o efeito das testemunhas no delineamento proposto. O ajuste pelas testemunhas comuns objetiva reduzir o desvio padrão residual, aumentando a precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2000).

Nem os efeitos de conjuntos nem o da interação testemunhas x conjuntos foram significativos, indicando a não necessidade de ajustar os valores dos caracteres (Tabela 2). Yokomizo (1999) e Tsutsumi (2000) também não detectaram heterogeneidade dentro das repetições. Os coeficientes de variação considerando apenas as testemunhas comuns também foram baixos por serem experimentos em covas, com PG sendo de 14,9%.

As médias das testemunhas evidenciaram que Conquista e BRS 133 foram as mais produtivas (PG); entretanto Conquista foi 12 dias mais tardia. A altura de planta (APM) foi baixa, pois o cultivo em covas modifica a arquitetura das plantas, favorecendo ramificações mais intensas e conseqüente reduzindo a altura de plantas. Conquista foi a mais alta, estatisticamente, entre as testemunhas. Em valor agrônomo, as testemunhas apresentaram médias altas, à exceção de BR 16. A cultivar Conquista, de valiosa contribuição à agricultura brasileira, apresenta excelente capacidade de ramificação. Quando semeada em covas, com espaçamento adequado para se

desenvolver lateralmente e livre de doenças, o seu desempenho foi destacado (Tabela 3).

A análise de variância das testemunhas permitiu desconsiderar o efeito de conjuntos na análise de variância dos genitores e cruzamentos, sendo realizada análise em blocos ao acaso, com informações dentro de parcelas.

A tabela 4 mostra a análise de variância em blocos ao acaso, com informações dentro de parcelas dos genitores e cruzamentos da geração F_2 . Todos os efeitos foram significativos para todos os caracteres na avaliação entre as parcelas, indicando variabilidade entre os genitores e entre os cruzamentos. Além disso, a significância de G vs C indica que os cruzamentos foram superiores aos genitores, pois apresentaram maior média. Isso possibilita que algumas progênies possam ser extraídas desses cruzamentos e serem superiores aos genitores, garantindo a efetividade da seleção recorrente.

Os coeficientes de variação foram adequados à experimentação agrícola (PIMENTEL GOMES, 2000), principalmente se considerado a maior variação ambiental decorrente de experimentos em covas, estando de acordo com o apresentado pela literatura (TSUTSUMI, 2000; LOPES et al., 2002; SILVA, 2008; MEDEIROS, 2009).

Não obstante, a similaridade dos CVs, Medeiros (2009) que também avaliou experimento em covas nesse mesmo ano, obteve médias de PG (g/covas) bem inferiores aos obtidos neste trabalho. Nesse caso, dois fatores contribuíram sobremaneira, já que Medeiros (2009) teve que semear o experimento fora de época (semeado em 21/01/2007) e utilizou PIs exóticas como genitores.

Já Silva (2008) que semeou o experimento no mesmo dia e não tinha genitores exóticos, obteve médias das plantas F_2 semelhantes às apresentadas pelos genótipos. Médias semelhantes em F_2 também foram obtidas por Tsutsumi, 2000 e Lopes et al., 2002.

Todos os cruzamentos apresentaram alguma perda de covas (plantas). Entretanto o cruzamento USP 04-18.032 (1) x USP 97-08.135 (3), discutido anteriormente, só apresentou 30 plantas mensuradas para PG. O que perdeu menos plantas foi o cruzamento USP 14-06-20 (7) x USP 191-102-03 (8), resultando que das 72 covas semeadas, 70 foram avaliadas. A análise de variância dentro dos genitores e

dentro de cruzamentos para PG foi pormenorizada na tabela 5. A variância dentro de genitores é a medida da variância ambiental, já que os genitores são linhagens. A variância fenotípica dentro de cruzamentos apresenta os componentes de variância genética e ambiental.

Na análise dentro de cruzamentos constatou-se que 27 cruzamentos apresentaram efeito de variância genética significativa. Nos outros 18 cruzamentos, a variação ambiental foi similar à genética. Para esses 18 cruzamentos, o teste de média de Scott e Knott (1974) demonstrou que na maioria, obtiveram as piores médias de PG, ou seja, além de apresentarem menor dispersão também tiveram as piores médias.

A herdabilidade, parâmetro de grande importância para o melhoramento genético, expressa a porcentagem da variância fenotípica que é devida às variações proporcionadas por fatores de natureza genética. Como o sucesso de um programa de melhoramento depende da existência da variabilidade genética na população, esse coeficiente indica a magnitude relativa da variabilidade genética disponível a ser explorada pela técnica seletiva (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Os maiores valores de herdabilidade (em torno de 0,7) foram obtidos para os cruzamentos USP 04-18.032 (1) x USP 14-06-20 (7), USP 04-18.032 (1) x USP 191-102-03 (8) e USP 02-16.045 (2) x USP 191-102-03 (8). Então nesses cruzamentos, a seleção das melhores plantas teria maior probabilidade de gerar indivíduos superiores dentro de cada cruzamento. Os valores de herdabilidade negativa foram obtidos quando a variação ambiental foi maior do que a genética. Isso ocorreu principalmente em alguns cruzamentos oriundos do genitor USP 97-10.046 (6); parte dos cruzamentos com este genitor não apresentou grande variância genética, de maneira que a herdabilidade verdadeira tendeu a ser nula.

2.3.1.3 Análise dialélica

Para analisar a capacidade de combinação foi utilizado o mesmo modelo da análise de variância, desdobrando-se o efeito dos genótipos em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), segundo a

metodologia de Griffing (1956). O resíduo foi dividido pelo número de repetições já que no modelo se trabalhou com a média dos cruzamentos (CRUZ; REGAZZI, 2001).

A CGC, estimada por $\hat{g}_i$, decorre principalmente da variância genética aditiva e da variância epistática aditiva x aditiva. Já a CEC, estimada por s_{ij} , resulta na variância não aditiva, principalmente variância genética dominante e de vários tipos de variância epistática (GRIFFING, 1956).

Tanto a CGC quanto a CEC foram significativas ($p < 0,01$), indicando a presença de efeitos aditivos e dominantes na análise dos cruzamentos. A relação CGC: (CGC + CEC) avaliada por Baker (1978) indica a relação entre os efeitos da variância aditiva e não aditiva. No trabalho, essa relação foi de 0,92, portanto a variância aditiva foi muito superior (tabela 6). Outros autores obtiveram a mesma relação para PG em soja na F_2 (SOLDINI, 1998; LOPES et al., 2002).

Na tabela 7 são apresentados os dados da CGC dos genitores. Além disso, são apresentadas as médias desses genitores analisadas em conjunto com os cruzamentos pelo teste de Scott e Knott (1974). Destacaram-se os genitores USP 191-102-03 (8) e USP 191-104-11 (10) por apresentarem as maiores concentrações de alelos favoráveis para produtividade de grãos. Os genitores USP 97-08.135 (3) e USP 14-06-20 (7) também são promissores, pois apresentaram estimativa $\hat{g}_i$ positiva e média alta. Já os genitores USP 04-18.032 (1) e USP 02-16.045 (2) apresentaram as menores concentrações de alelos favoráveis. Em geral, os dados da $\hat{g}_i$ foram associados à média, ou seja, maiores médias também apresentaram maiores $\hat{g}_i$ corroborando o encontrado por Freire Filho (1988), Freire Filho e Vello (1989) e Lopes et al. (2002).

Já a CEC, estimada por s_{ij} , indica se o cruzamento em questão segue o modelo esperado pela CGC. Na prática, estima os efeitos dos genes não aditivos, ou seja, dominantes e epistáticos. Se a magnitude da CEC for alta, o sinal indicará se o cruzamento apresentou melhor (sinal positivo) ou pior (sinal negativo) resultado do que o esperado pela CGC (CRUZ; REGAZZI, 1997).

De acordo com a tabela 8, o maior valor de s_{ij} ocorreu no cruzamento USP 14-06-20 (7) x USP 191-102-03 (8) que também apresentou média alta. Tanto o genitor USP 14-06-20 (7) quanto USP 191-102-03 (8) tiveram alto valor de CGC, portanto era

esperado que sua combinação resultasse em um híbrido superior. Mesmo assim, a complementariedade dos locos gerou combinação melhor do que o esperado. Os cruzamentos USP 16.015 (4) x USP 191-104-11 (10), USP 04-18.032 (1) x USP 14-06-20 (7), USP 02-16.045 (2) x USP 97-08.135 (3) e USP 02-16.045 (2) x USP 191-102-03 (8) também tiveram altos valores de CEC, sendo suas médias altas, porém significativamente menores do que a do melhor cruzamento. Esses cruzamentos tiveram complementariedade interessante, já que sempre foram combinações de genitores portadores de maiores locos de alelos favoráveis com outros que não eram tão promissores com base na CGC, como o genitor USP 02-16.045 (2) (Tabela 8). Valores contrastantes de $\hat{g}_i$ também originaram altos valores de s_{ij} , no trabalho de Freire Filho (1988).

Ainda pela tabela 8, verifica-se que os cruzamentos com menores valores de CEC foram USP 97-10.046 (6) x USP 191-104-11 (10), USP 16.015 (4) x USP 191-103-12 (9), USP 02-16.045 (2) x USP 97-10.046 (6), USP 04-18.032 (1) x USP 191-104-11 (10), USP 11-38 (5) x USP 191-104-11 (10) e USP 16.015 (4) x USP 191-102-03 (8). Dentre esses, todos apresentaram médias baixas pelo teste de Scott e Knott (c ou d).

As estimativas da heterose (%) e heterose padrão (%) indicaram quanto os cruzamentos produziram em relação à média dos genitores e a média das testemunhas comuns, respectivamente.

Os cruzamentos que envolveram esses genótipos aparentados (Tabela 1), tais como USP 04-18.032 (1) x USP 16.015 (4), USP 16.015 (4) x USP 11-38 (5) e USP 191-102-03 (8) x USP 191-103-12 (9) apresentaram baixos valores de heterose (Tabela 8). Já USP 04-18.032 (1) x USP 11-38 (5) demonstrou heterose positiva (foi o quinto cruzamento mais heterótico); então mesmo com o parentesco, alguns locos foram complementares.

Os cruzamentos com maiores valores de heterose foram associados a valores altos de CEC, embora com variações nas ordens de classificação. Os maiores valores de heterose *per se* foram de USP 02-16.045 (2) x USP 97-08.135 (3), USP 02-16.045 (2) x USP 191-102-03 (8), USP 04-18.032 (1) x USP 14-06-20 (7) e USP 02-16.045 (2) x USP 16.015 (4). A expressiva heterose apresentada pelos descendentes de USP 02-16.045 (2) talvez possa ser associada também a sua baixa média exposta na tabela 7.

Os menores valores da heterose também estão associados a valores baixos de CEC, e os cruzamentos nessa condição também apresentaram médias baixas.

A heterose padrão (%), mensurada na tabela 8, demonstra que na condição de proteção dos genótipos com fungicidas, o desempenho das testemunhas tendeu a superar os cruzamentos. Poucos conseguiram suplantar as testemunhas, destacando-se USP 14-06-20 (7) x USP 191-102-03 (8), USP 191-102-03 (8) x USP 191-104-11 (10), USP 14-06-20 (7) x USP 191-104-11 (10) e USP 97-08.135 (3) x USP 191-104-11 (10). Todas essas combinações envolveram genitores com alta CGC (tabela 7). Além disso, destaca-se que essa medida é da média das plantas dos cruzamentos. Então, mesmo com a heterose padrão demonstrando tendência de superioridade das testemunhas, pode ocorrer que dentro dos cruzamentos, algumas progênies sejam superiores.

O parâmetro $\hat{s}_{ii}$, de grande significado genético, é uma medida da divergência genética do genitor i em relação aos outros genitores incluídos no dialelo e indica a manifestação heterótica dos cruzamentos do genitor em questão. Sinais positivos de $\hat{s}_{ii}$ indicam que os cruzamentos desse genitor apresentam heterose negativa, já sinais negativos indicam cruzamentos com heterose positiva. A magnitude de $\hat{s}_{ii}$ é um indicativo da divergência genética do genitor i em relação à média dos outros genitores; maiores valores absolutos representarão maior efeito da heterose varietal expressa nos cruzamentos desse genitor (FREIRE FILHO, 1988; CRUZ; REGAZZI, 1997). Os genitores USP 02-16.045 (2), USP 97-08.135 (3) e USP 191-104-11 (10) foram os genitores que tiveram os cruzamentos com maior heterose. Já o genitor USP 97-10.046 (6) apresentou alta magnitude de $\hat{s}_{ii}$ com sinal positivo, de fato, todos os seus híbridos apresentaram heterose negativa (Tabela 9).

2.3.2 Experimentação da geração $F_{2:3}$

2.3.2.1 Aspectos Gerais

Os resultados das avaliações realizadas na geração $F_{2:3}$ permitiram elucidar o comportamento dos cruzamentos em relação à reação a ferrugem asiática. Nessa safra,

foi possível detectar a presença da doença a partir do período reprodutivo da cultura, entre R_2 e R_3 , nos três locais avaliados; Anhembi, Areão e ESALQ; em Areão a detecção dos primeiros esporos foi aproximadamente uma semana mais tardia em relação ao mesmo período de avaliação nos outros dois locais.

Pela natural dispersão dos esporos pelo vento, não houve inoculação da doença nos experimentos. Considerou-se que as parcelas estariam submetidas à mesma condição ambiental de pressão de inóculo dentro dos locais.

As aplicações preventivas do experimento de fungicida Opera & Impact Duo controlaram bem a doença, não havendo detecção de esporulação nas parcelas nos três locais avaliados. Já no experimento de fungicida Derosal, após a detecção dos primeiros esporos, o progresso da doença foi notório a cada semana de avaliação. Os experimentos foram bem conduzidos quanto ao controle de pragas e plantas daninhas. Irrigação suplementar foi realizada, especialmente para garantir a emergência e vigor inicial das plântulas e no período crítico reprodutivo.

Três progênes $F_{2:3}$, oriundas de cruzamentos diferentes, não apresentaram estande adequado em todos os locais e experimentos de fungicidas, restando nas parcelas apenas 5 a 8 plantas, quando o ideal era em torno de 20 plantas. Portanto, essas parcelas foram consideradas perdidas.

2.3.2.2 Análises de variância

Inicialmente, avaliou-se a necessidade de ajuste dos conjuntos dos experimentos de progênes, procedendo análise de variância só com as testemunhas comuns. Não houve detecção de efeito de conjuntos, portanto não foi necessário o ajuste.

Nos experimentos dos genitores, as mesmas testemunhas comuns estavam semeadas e serviram para validar a posterior avaliação conjunta dos genitores com suas progênes. A tabela 10 apresenta a análise de variância conjunta do experimento dos genitores; constatou-se efeito significativo para locais em todos os caracteres avaliados, indicando que o desempenho dos genótipos variou conforme o local. O efeito de fungicidas foi significativo para todos os locais, exceto para o caráter AC. Para todos os caracteres houve variação entre os genitores e entre as testemunhas, em 1% de significância. Para PG e NDM, não houve variação (contraste não significativo) entre o

grupo dos genitores e o grupo das testemunhas. O efeito dos fungicidas variou em relação aos locais, já que a distribuição do patógeno não foi eqüitativa entre os locais. A detecção da interação L x G é comum em soja, pois o efeito do local tem forte influência na maioria dos caracteres, especialmente PG (TOLEDO et al., 2000). A significância da interação F x G indicou que a ferrugem influenciou o comportamento dos genótipos. A interação tripla L x F x G não foi significativa.

2.3.2.3 Reação dos genótipos à ferrugem asiática da soja

Inicialmente, os esporos foram detectados distribuídos irregularmente no campo, de acordo com a suscetibilidade e o estágio de desenvolvimento do genótipo. Essas primeiras parcelas infectadas eram mais precoces que as outras. Posteriormente, a distribuição da doença foi regular, atingindo todas as parcelas. Os genótipos mais tardios só apresentaram menos esporulação na primeira avaliação, sendo que posteriormente, as notas dependeram essencialmente da suscetibilidade do genótipo. Yorinori et al. (2008) relatam que é mais comum a ocorrência da doença a partir do início da floração (R_1), contudo sob alta pressão de inóculo, a doença pode ser constatada inclusive nas folhas cotiledonares. Essa dependência do estágio de desenvolvimento do genótipo com a reação à ferrugem asiática pode estar relacionada aos mecanismos de defesa da planta.

Nas lavouras comerciais, as perdas de produtividade estão relacionadas ao estágio de desenvolvimento durante o qual a ferrugem é constatada. No entanto, dependendo do manejo, pode-se tirar proveito do efeito da ferrugem. Quando entra na fase final de desenvolvimento, a planta se torna mais suscetível a determinadas doenças. Na prática, se o produtor controlar a doença adequadamente até o final da fase de granação, a desfolha causada pela ferrugem asiática pode auxiliar na maturação uniforme da lavoura, facilitando a colheita.

Portanto, o ciclo pode influenciar na reação dos genótipos à ferrugem. A variação do ciclo foi pormenorizada quanto ao comportamento dos genitores e das progênes de cada cruzamento, quanto ao grupo de maturação. Segundo Alliprandini et al. (2009), o grupo de maturação das cultivares brasileiras varia bastante, principalmente segundo a

época de plantio, o ano e o local. A estimação do grupo de maturação das progênes pode auxiliar na indicação das melhores regiões para se avaliar as progênes. Na região de Piracicaba, Conquista (GM 8,2) parece ser o limite de ciclo, pois teve média de 139 dias. Cultivares com ciclo muito tardio e suscetíveis à ferrugem asiática podem comprometer a rentabilidade do produtor, devido à necessidade de grande número de aplicações de fungicidas.

Com o conhecimento do grupo de maturação de três das testemunhas comuns utilizadas no estudo (BR 16, GM 6,4; BRS 133, GM 7,1 e Conquista, GM 8,2) estimou-se a equação de regressão linear para determinar o grupo de maturação dos outros genótipos. A equação foi significativa e teve elevado valor de R^2 de 0,9255 (figura 3). A equação da regressão linear indicou que variação de 0,1 no GM equivale a aproximadamente 0,9 dias a mais no ciclo; segundo o trabalho de Alliprandini et al. (2009) conclui-se que, em média, essa relação é aproximadamente de 1:1. As cultivares que originaram a equação de regressão apresentaram pequena variação do seu real grupo de maturação quando submetidas à equação. Isso ocorre porque a equação não explicou toda a variação. Essa variação foi da ordem de no máximo 0,3 no GM; com BR 16 apresentando GM de 6,1 quando na verdade é 6,4. A variação em BRS 133 foi de apenas 0,1, sendo estimado GM de 7,0 quando o real é 7,1. Conquista foi exatamente o mesmo grupo. Portanto estima-se que o GM determinado para as progênes também possa variar, embora com baixa magnitude (Tabela 11)..

Pela análise dos grupos de maturação dos genitores nota-se que a variação de ciclo dos genitores não é tão acentuada, indo de GM 6,7 (126 dias) nos genitores USP 04-18.032 (1) e USP 02-16.045 (2) a GM 7,8 (135 dias) no genitor USP 191-104-11 (10). Isso equivale a 1,1 de variação. Com a relação de equivalência discutida anteriormente, tem-se que 11 vezes 0,9 equivale a 9,9 dias. E o ciclo desses extremos variou de exatamente 9 dias (Tabela 11).

Em média, os cruzamentos apresentaram GM 7,3, o que equivale a aproximadamente 131 dias de ciclo. De maneira geral, a amplitude dos cruzamentos para GM oscilou em torno de 1,0, ou aproximadamente 9 dias.

A progênie mais tardia de todas foi estimada como GM 8,4, sendo bem próxima da testemunha comum mais tardia (GM 8,2). Essa progênie foi originada do cruzamento

entre um genitor dos mais precoces, USP 02-16.045 (2), com o mais tardio, genitor USP 191-104-11(10). Já a mais precoce também foi originada do genitor USP 02-16.045 (2), dessa feita combinada com o genitor USP 97-10.046 (6). Os cruzamentos que envolveram o genitor USP 02-16.045 (2) apresentaram a maior variação do caráter NDM nas progênes, indicando que este pode ter genes diferentes dos demais genitores para ciclo.

A análise de todos os genótipos avaliados na geração $F_{2:3}$, possibilitou inferir que os locais foram importantes na discriminação dos caracteres. O efeito de fungicida foi significativo evidenciando a eficácia da metodologia para discriminação dos genótipos. No caso, o experimento livre da doença (Opera & Impact Duo) foi superior ao desprotegido por fungicida específico para o combate à ferrugem asiática (Derosal). Os resultados corroboram os dados obtidos nos trabalhos de Unfried (2007), Araújo (2009) e Medeiros (2009). A significância da interação L x F foi devida à ocorrência distinta da quantidade de doença entre os locais A interação L x G significativa indicou resposta diferenciada dos genótipos em relação ao local de plantio. Já para F x G, o efeito significativo indicou que os genótipos apresentaram resposta diferenciada nos tratamentos de fungicida. A significância da interação tripla indicou que os genótipos apresentaram comportamento diferenciado entre os fungicidas dentro dos locais (Tabela 12).

O teste de médias foi realizado com todos os genótipos avaliados na geração $F_{2:3}$ de acordo com a metodologia de Scott e Knott (Tabela 13). As médias foram obtidas pareadamente por local, pois uma progênie que não tinha informação de determinado fungicida poderia viesar a média, já que o efeito de fungicidas foi significativo. Como o número de progênes avaliadas era muito grande, o seu desempenho foi sintetizado em uma tabela com a distribuição de frequências. Só estão apresentadas as distribuições de frequência dos valores extremos (*maiores* e *menores*), para facilitar a interpretação dos dados de maior relevância. O teste foi realizado por caráter e o número de grupos obtidos indica a quantidade de letras a serem utilizadas na discriminação dos genótipos. Para as progênes, dentro da coluna *maiores*, estão evidenciadas a quantidade de progênes com a mesma letra (“a”) para cada cruzamento. No fim da coluna com os dados de progênes estão evidenciados o total de progênes similares que pertencem a

esse determinado grupo. Para a coluna *menores*, o resultado é similar, sendo que a menor letra varia de acordo com o número de grupos formados.

No caráter PG, o desempenho das progênes foi superior ao dos genitores e testemunhas, já que à exceção de um cruzamento, USP 04-18.032 (1) x USP 97-08.135 (3), pelo menos uma progênie teve letra superior “a”; nenhum dos genitores ou testemunhas teve o mesmo desempenho, sendo que os genitores USP 02-16.045 (2), USP 16.015 (4), USP 11-38 (5), USP 97-10.046 (6), USP 14-06-20 (7), USP 191-102-03 (8), USP 191-103-12 (9) e USP 191-104-11 (10) e a testemunha BRS 133 apresentaram letra “b”. Como a média inclui os experimentos com a presença do patógeno, conclui-se que as progênes apresentaram reação superior aos genitores e às testemunhas. Conquista, IAC 100 e o genitor USP 97-08.135 (3) estiveram no grupo que reúne as piores médias.

Os cruzamentos com maiores números de progênes com alta PG foram USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6), USP 11-38 (5) x USP 97-10.046 (6) e USP 11-38 (5) x USP 191-102-03 (8). Os genitores USP 11-38 (5) e USP 97-10.046 (6) tiveram desempenho destacado, indicando presença de alelos de tolerância à ferrugem, pois conferiram progênes superiores a um grande número de cruzamentos. Na geração anterior, quando avaliados somente caracteres de PG, esses genitores não haviam demonstrado alto potencial produtivo entre suas progênes, porém na presença do patógeno, seu desempenho foi diferente. Já os genitores USP 04-18.032 (1) e USP 97-08.135 (3) foram os de pior desempenho na avaliação, tanto *per se*, quanto em relação a seus cruzamentos. Entretanto algumas progênes oriundas desses genitores emplacaram no grupo das maiores médias, possibilitando a seleção de progênes tolerantes à ferrugem.

Em relação ao NDM, as progênes de menor ciclo (mais precoces) ocorreram nos cruzamentos tendo como genitores USP 04-18.032 (1) e USP 02-16.045 (2). Para APM, todas as progênes com maior altura de plantas foram observadas no cruzamento USP 02-16.045 (2) x USP 191-102-03 (8); portanto, este cruzamento apresentou grande complementaridade alélica para aumentar a APM. No caso de redução da altura de planta, destacaram-se as progênes dos genitores USP 04-18.032 (1), USP 02-16.045 (2), USP 97-08.135 (3) e USP 16.015 (4). Para AC, as progênes do genitor USP 191-

102-03 (8) foram as que mais acamaram. Do cruzamento com maior altura de planta, USP 02-16.045 (2) x USP 191-102-03 (8), quatro das sete maiores progênes apresentaram maiores notas de AC. Porém, de maneira geral, acamamento não foi problema.

Também na tabela 13, em relação ao VA, destacaram-se os cruzamentos USP 14-06-20 (7) x USP 191-104-11 (10), que teve 75% das suas progênes com *maiores* valores, seguido por USP 191-103-12 (9) x USP 191-104-11 (10), com 64% das progênes na mesma categoria. Já o cruzamento USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6), que foi o melhor para PG, não apresentou destaque para VA. As cultivares Conquista e IAC 100 tiveram desempenho destacado, com VA entre os *maiores* e PG na categoria *menores*. Os dados das testemunhas evidenciam a suscetibilidade das cultivares à ferrugem. Na geração anterior, sem a doença, elas se destacaram, contudo, na presença do patógeno perderam em produtividade.

Na tabela 14, as notas das avaliações da ferrugem demonstraram a evolução da doença ao longo do tempo; com intervalos de 7 a 9 dias entre as avaliações. Foi observado acentuado aumento da doença no período, de maneira que as notas foram altas (várias notas máximas) nas últimas avaliações para os genótipos suscetíveis.

Os efeitos de genótipos e locais foram significativos para todas as avaliações, sendo também na média. A interação não foi significativa na primeira avaliação (NF1), pois como as avaliações começaram no início da constatação da doença, a primeira avaliação foi menos discriminante.

Pela tabela 15, na comparação das médias dos locais, as notas de ferrugem em Anhembi foram superiores na NF1, evidenciando que neste local havia mais inóculo na primeira avaliação. Já na NF2, as notas dos genótipos na ESALQ foram superiores, em virtude do avanço acentuado da doença; nesse caso, o intervalo de avaliação entre a primeira e a segunda avaliação foi de 9 dias, o que já aumentou consideravelmente a quantidade de inóculo nos genótipos suscetíveis. Em Anhembi e Areão, esse intervalo foi de 7 dias, as notas aumentaram de valor, mas em menor proporção do que na ESALQ. Já na NF3, ESALQ e Anhembi foram estatisticamente semelhantes, pois a quantidade de inóculo e o progresso acentuado da doença elevou os níveis de dano

próximo ao máximo (nota 7,0). No período, o local Areão apresentou menor ocorrência de ferrugem do que os demais locais.

Os genótipos apresentaram grande variação no efeito ferrugem, com amplitude variando de -3060 kg.ha^{-1} a 1410 kg.ha^{-1} . Valores negativos representam a perda de produtividade que as progênies tiveram em virtude da doença. Quando o contraste Derosal menos Opera & Impact Duo foi positivo, induziria-se a conjecturar que as progênies nessa condição poderiam produzir mais na presença da doença, ou seja, que o fungicida Derosal pudesse contribuir para aumentar a produtividade de alguns genótipos, já que a interação F x G foi significativa. Entretanto, esse resultado deve ter ocorrido por questões de amostragem e erro experimental, pois envolvem experimentos distintos, cada um deles com uma única repetição. Em experimentos de campo, outros autores também encontraram situação semelhante (UNFRIED, 2007; ARAÚJO, 2009).

Para definir os limites para distribuição dos genótipos entre os quatro quadrantes propostos pelo trabalho, foi feito o teste de média de Scott e Knott. Para MNF esse limite foi de 3,89, com a amplitude desse caráter variando de 2,49 a 5,28. Já para EF, o limite foi de -201 kg/ha . Algumas progênies não foram consideradas nessa avaliação por não apresentarem valores para EF, ou o valor ser decorrente de apenas um local.

Os genótipos que perderam muito em PG foram classificados como MS ou S. Se tiveram notas baixas de MNF, ou seja, apresentaram menos esporos, caracterizaram-se por MS e caso as notas fossem maiores eram S. Já quando não perdiam muito em PG, foram classificados como T ou MT; T se MNF fosse inferior ao valor limite e MT para MNF mais altas (Tabela 16).

O cruzamento USP 02-16.045 (2) x USP 191-104-11 (10) foi o que apresentou maior número de progênies T. Sendo que todos os cruzamentos envolvendo o genitor USP 191-104-11 (10) tiveram progênies T (49% do total). Portanto o genitor USP 191-104-11 (10) têm alelos que conferem reação de tolerância à ferrugem asiática. Na geração F₂, esse mesmo genitor destacou-se na geração de progênies superiores para maior PG. Para MT, a distribuição de frequência das progênies foi mais equitativa.

Apenas o genitor USP 191-102-03 (8) foi moderadamente tolerante por esse critério, pois apresentou menos decréscimo em PG do que o limite, mas com maior nota de ferrugem. Todos os outros genitores e as testemunhas foram classificados com S.

Esses genitores foram considerados tolerantes em trabalhos anteriores, mediante outro critério de classificação, baseado essencialmente na PG. Ressalta-se que a classificação proposta pelo trabalho é diferente das metodologias de classificação da tolerância, à época da seleção dos genitores. Posteriormente, Araújo (2009) propôs essa metodologia, que foi eficiente. Em todo caso, a análise é ligeiramente modificada ao que foi proposto por Araújo (2009).

Se forem considerados apenas os grupos T e MT todos os cruzamentos apresentaram progênies dentro desses grupos (Tabela 16). Isso indica que os genitores possuíam alelos complementares para resistência à ferrugem, pois quando combinados apresentaram segregação transgressiva, já que o desempenho de algumas progênies foi superior ao dos genitores. Esses indícios possibilitam o sucesso do incremento da resistência horizontal.

A classificação proposta evidencia que os critérios de classificação serviram para discriminar bem os genótipos, embora devam ser ponderados por outros fatores. Os maiores valores de EF, que isolaram os genótipos T e MT dos MS e S, não podem ser observados desassociados da média de PG, pois a reação às doenças deve ser associada às médias altas de PG. Além disso, foram encontradas progênies MS e S que perdem muito em PG na presença do patógeno, no caso são MS e S, porém apresentaram alta PG, em virtude da sua produção quando protegidas com Opera & Impact Duo. Na prática, dependendo desse diferencial produtivo, pode ser mais viável economicamente pulverizar a lavoura e plantar um genótipo suscetível.

Entre as progênies T, 27 (34%) tiveram médias superiores para PG de acordo com o teste de Scott e Knott na análise realizada com todos os genótipos da geração $F_{2:3}$. Entre as MT, 44 progênies (18%) também foram superiores em PG. Esses foram os melhores genótipos de acordo com as análises, pois apresentaram médias altas de PG e T ou MT para reação à ferrugem. Por conseguinte, essas progênies apresentaram doença, porém sua produtividade alta se manteve mesmo na presença do patógeno.

A tabela 17 apresenta alguns caracteres agrônômicos das melhores progênies T (alta PG). O cruzamento USP 02-16.045 (2) x USP 191-104-11 (10) teve oito dessas melhores progênies (29%), sendo interessante explorar o potencial desse cruzamento na extração de progênies superiores. O GM desses genótipos variou de 7.6 a 8.4,

variando de ciclo médio a tardio. Novamente destacou-se o genitor USP 191-104-11 (10), pois 20 progênies do total (74%) descenderam do mesmo (Tabela 17).

As melhores progênies MT são apresentadas na tabela 18. Destacaram-se os cruzamentos USP 02-16.045 (2) x USP 16.015 (4), USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6) e USP 11-38 (5) x USP 97-10.046 (6) como os mais promissores, pois apresentaram maior número de progênies MT com média alta de PG.

As menores MNF das progênies T em relação as MT podem ter ocorrido devido à menor NF1 nos genótipos de ciclo mais tardio. Pois nas melhores progênies MT, todas as 44 de maiores médias apresentaram ciclo precoce a médio. Logo, conclui-se que a classificação dependeu do ciclo dos genótipos.

A porcentagem de progênies com médias altas em T (34%) em relação as MT (18%) pode indicar que a nota é importante na avaliação da reação à ferrugem. Porém para continuar o trabalho de seleção é essencial que os experimentos das progênies sejam ajustados pelo grupo de maturação se forem avaliadas notas de reação à doença.

Caso o trabalho seja feito só com o contraste de PG entre os fungicidas, os experimentos podem incluir genótipos com ciclo diferentes, pois nesse caso, foi mais importante a resistência genética dos genótipos.

3 CONCLUSÕES

1. O número de dias para maturidade influenciou diretamente as notas de reação à ferrugem.
2. A metodologia do contraste de fungicidas discriminou eficientemente os genótipos tolerantes / moderadamente tolerantes dos moderadamente suscetíveis / suscetíveis.
3. Os genitores possuíam alelos de resistência à ferrugem que podem garantir o sucesso da seleção recorrente.
4. Com base nos parâmetros da capacidade geral de combinação para PG, estimados na geração F_2 , o genitor USP 191-104-11 (10) apresentou maior potencial de gerar progênies promissoras.
5. Na geração $F_{2:3}$ o genitor USP 191-104-11 (10) foi o que melhor conciliou alta PG e tolerância à ferrugem entre suas progênies.
6. Os cruzamentos USP 02-16.045 (2) x USP 16.015 (4), USP 16.015 (4) x USP 97-10.046 (6) e USP 11-38 (5) x USP 97-10.046 (6) e USP 02-16.045 (2) x USP 191-104-11 (10) destacaram-se pela quantidade de progênies com alta produtividade de grãos e moderadamente tolerantes ou tolerantes à ferrugem asiática.

REFERÊNCIAS

ALLIPRANDINI, L.F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P.F.; CAVASSIM, J.C.; GABE, H.L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M.N.; OLIVEIRA, M.A.R.; PITOL, C.; PRADO, L.C.; STECKLING, C. Understanding Soybean Maturity Groups in Brazil: Environment, Cultivar Classification, and Stability. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 801-808, 2009.

ALLIPRANDINI, L.F.; VELLO, N.A. Heritability and correlations among traits in four-way soybean crosses. **Euphytica**, Dordrecht, v.136, p.81-91, 2004.

ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S. Melhoramento de soja no Brasil – Desafios, e Perspectivas. In: CÂMARA, G.M.S. **Soja – Tecnologia da Produção**. Piracicaba: FEALQ, 1998.p.40-54

ALVES, B. J. R.; BODDEY, R. M.; URQUIAGA, S. The success of BNF in soybean in Brasil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 252, n. 1, p. 1-9, 2003.

ALVES, S.A.M.; FURTADO, G.Q.; BERGAMIM FILHO, A. Influência das condições climáticas sobre a ferrugem da soja. In: ZAMBOLIM, L. **Ferrugem Asiática da Soja**. Viçosa: UFV, 2006. cap. 3, p. 37-59.

ALVES, S.A.M. . **Quantificação de parâmetros da pré-penetração e monocíclicos relacionados ao patossistema *Phakopsora pachyrhizi*-soja**. 63p. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

ARAÚJO, M.M. **Caracterização e seleção de linhagens de soja resistentes ou tolerantes à ferrugem asiática**. 2009. 77 p. Dissertação (Mestrado em genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

AZEVEDO FILHO, J.A. de; VELLO, N.A.; GOMES, R.L.F. Estimativas de parâmetros genéticos de populações de soja em solos contrastantes na saturação de alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 57, n. 2, 1998.

BAKER, R. J. Issues in diallel analysis. **Crop Science**, Madison, v. 18, n. 4, p. 533 – 536, 1978.

BERGAMIM FILHO, Epidemiologia comparativa: Ferrugem da soja e outras doenças. In: ENCONTRO SOBRE MANEJO INTEGRADO: FERRUGEM DA SOJA E DOENÇAS QUARENTENÁRIAS DOS CITRUS, 8., 2006, Viçosa. **Anais...** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2006. p. 1-9.

BROGIN, R.L. **Mapeamento de genes de resistência à ferrugem e de QTL's envolvidos na resistência à septoriose em soja**. 2005. 93p. Tese (Doutorado em

Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2005.

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

BROMFIELD, K.R.; MELCHING, J.S. Sources of specific resistance to soybean rust. **Phytopathology**, Columbia, v. 72, p. 706, 1982.

BROMFIELD, K.R. **Soybean rust**. St. Paul: American Phytopathological Society, 1984. (Monograph 11). 64p.

CALDWELL, P.M.; McLAREN, N. W. Soybean rust reasearch in South Africa. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE. 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguassu. **Proceedings...** Londrina: Embrapa Soybean, 2004. p.440-446.

CALVO, E.S.; KIIHL, R.A.S. Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos. **Visão Agrícola**, Piracicaba, v. 3, n. 5, p. 136-139, 2006.

CALVO, E.S.; KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A.; HARADA, A.; HIROMOTO, D.M. Two major recessive soybean genes conferring soybean rust resistance. **Crop Science**, Madison, v.48, n.4, p.1350-1354 (2008).

CAMARGO, L.E.A.; BERGAMIM FILHO, A. Controle Genético. In: BERGAMIM FILHO, A.; KITAMI, H.; AMORIM, L. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Ceres, 1995. cap. 37, p. 729-760.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – décimo segundo levantamento, setembro 2009. Brasília: CONAB, 43P. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/12graos 08-09.pdf](http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/12graos%2008-09.pdf). Acesso em: 13 nov. 2009.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.**, 2. ed. Viçosa: UFV, 1997, v. 1 390 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes – Biometria**. Viçosa, UFV, 2006, 382p.

DESLANDES, J.A. Ferrugem da soja e de outras leguminosas causada por *Phakopsora pachyrhizi* no Estado de Minas Gerais. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.4, n.2, p. 337-339, 1979

EMBRAPA SOJA. 2007. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa de Soja. Prejuízo com ferrugem da soja se mantém estável nesta safra. Disponível em:

<http://www.cnpso.embrapa.br/noticia/ver_noticia.php?cod_noticia=380>. Acesso em: 16 jun. 2007

EMBRAPA SOJA. Doenças e medidas de controle. In: _____ **Tecnologias de produção de soja região central do Brasil 2007**. Londrina: Embrapa Soja, Embrapa Cerrados, Embrapa Agropecuária Oeste, 2006. p. 169-218.

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

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

FREIRE FILHO, F.R. **Análise genética de um dialelo entre genótipos precoces de soja [Glycine max (L.) Merrill]**. 1988. 224p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

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

FURTADO, G.Q. **Ferrugem asiática da soja**: métodos de preservação dos urediniósporos e fatores relacionados à infecção do hospedeiro. 2007. 79p. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

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

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

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biological Sciences**, East Melborn, v. 9, p. 463 – 493, 1956.

HANSON, W.D.; PROBST, A.H.; CALDWELL, B.E. Evaluation of a population of soybean genotypes with implications for improving self-pollinated crops. **Crop Science**, Madison, v.7, p. 99103, 1967.

HARTWIG, E.E.; BROMFIELD, K.R. Relationships among three genes conferring specific resistance to rust in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 23, n. 1, p. 237-239, 1983.

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

HINSON, K.; HARTWIG, E.E. **Soybean production in the tropics**. *FAO Plant Production and Protection Paper*. AGPS MISC/35.FAO, Rome, n. 4, 1977.

KATO, M.; YORINORI, J.T. Variabilidade patogênica da *Phakopsora pachyrhizi* no Brasil. In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 28., 2006, Londrina. **Anais...** Londrina: EMBRAPA SOJA – Fundação Meridional – Fundação Triângulo, 2006. p. 147-149.

KILLGORE, E.; HIEU, R. First report of soybean rust in Hawaii. **Plant Disease**, St. Paul, v. 78, n. 1, p. 12-16, 1994.

LEVY, C. Epidemiology and Chemical Control of Soybean Rust in Southern Africa. **Plant Disease**. St. Paul, v. 89, n. 6, p. 669-674, 2005.

LI, Z.K.; ARIF, M.; ZHONG, D.B. Complex genetic networks underlying the defensive system of rice (*Oryza sativa* L.) to *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 103, n. 21, p. 7994-7999, 2006.

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

MAPA Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: www.consorcioantiferrugem.net. Acesso em: 5 maio, 2008.

MAPA Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Disponível em: http://masrv103.agricultura.gov.br/proton/cultivarweb/cultivares_protegidas.php Acesso em: 13 nov. 2009.

MARTIELLO, R. R.; BARBIERI, R. L.; CARVALHO, F. I. F. Resistência das plantas a moléstias fúngicas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 1, p. 161-168, 1997.

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

MEDEIROS, A. G. **Parâmetros genéticos e potencial agrônômico de cruzamento tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática.**

Piracicaba, 2009. 157 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

MIRANDA, Z. F.S.; ARIAS, C. A. A.; PRETE, C. E. C.; KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; TOLEDO, J. F. F.; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.42, n.3, p.363-369, 2007

MOREL PAIVA, W.; SCHEID, N.; AMARILIA, V.; CUBILLA, L. E. Soybean rust in Paraguay, evolution in the past three years. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguaçu. **Proceedings**.. Londrina: Embrapa Soybean. 2004. p.361-364.

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

PIMENTEL GOMES, F. Análise conjunta de experimentos em blocos ao acaso com alguns tratamentos comuns. In: _____. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: Degaspari, 2000. cap. 17, p. 330-347.

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

SHANMUGASUNDARAM, S.; YAN, M.R.; WANG, T.C. Breeding for soybean rust resistance in Taiwan. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CENFERENCE, 7., 2004, Foz do Iguaçu, **Proceedings**... Londrina: EMBRAPOA SOJA, 2004. P. 456-462.

SILVA, L, A. S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. Piracicaba, 2008. 170 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

SEDIYAMA, T.; ALMEIDA, L.A.; MIYASAKA, S; KIIHL, R.A.S. Genética e Melhoramento. In: MIYASAKA, S; MEDINA, J.C. **A Soja no Brasil Central**. Campinas: Cargil, 1986, v.1, p.23-63.

SINGH, D.P. Concepts in disease resistance. IN: **Breeding for resistance to diseases and insect pests**. Springer Verlag, 1986, cap. 2, p.4-25

SOLDINI, D. O. **Potencial genético de cruzamentos dialélicos parciais de soja com ênfase na produtividade de grãos e óleo**. Piracicaba, 1998. 80 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S.; CARRÃO-PANIZZI, M.C.; KASTER, M.; MIRANDA, L.C.; MENOSSO, O.G. Genetics and breeding. In: EMBRAPA-CNPSo, **Tropical soybean: improvement and production**. Rome: FAO, 1994. p. 19-36. (Plant Production and Protection Series, 27).

TOLEDO, J.F.F.; ARIAS, C.A.A.; OLIVEIRA, M.F.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z.F.S. Genetical and environmental analysis of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, 2000, p.1783-1796.

TSCHANZ, A.T. **Soybean Rust Epidemiology**: Final Report. Shanhua:AVRDC, 1984. 157p.

TSUTSUMI, C. Y. **Caracterização agrônômica de cruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão**. 2000. 159 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2000.

UNFRIED, J.R. **Estratégias para seleção de linhagens experimentais de soja para tolerância à ferrugem e associações com outras doenças**. 2007. 220p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2007.

USDA. 2008. United States Department of Agriculture – Foreign Agricultural Service. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 25 mar. 2008.

VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ/USP. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1., Piracicaba, 1991. **Anais...** Piracicaba, FEALQ, 1992. p.60-81.

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

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, A.J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, , v.11, p.679-697, 1988.

YANG C.Y. Soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi*. In: FIRST SOYBEAN RUST WORKSHOP. 1991, Wuhan. **Proceedings...** Wuhan: Hubei, 1991, p. 1-32

YOKOMIZO, G. K. **Interação genótipo x ambientes em topocruzamentos do soja tipo alimento com tipo grão**. Piracicaba, 1999. 170 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

YORINORI, J. T. Doenças da soja no Brasil. In: FUNDAÇÃO CARGILL. **Soja no Brasil Central**. Campinas: Fundação Cargill, 1986. p. 301-363.

YORINORI, 2004; JUNIOR, J.N.; LAZZAROTO, J.J. **Ferrugem asiática da soja no Brasil**: evolução, importância econômica e controle. Londrina: EMBRAPA Soja, 2004. 36 p. (EMBRAPA Soja. Documentos, 247).

YORINORI, J.T. PAIVA, W.M.; FREDERICK, R.D.; COSTAMILAN, L.M.; BERTAGNOLLI, P.F.; HARTMAN, G.E.; GODOY, C.V.; NUNES Jr, J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. Plant Disease, Saint Paul, v. 89, n. 6, p. 675-677, 2005.

YORINORI; YUYAMA, **Doenças da soja**. In: FUNDAÇÃO MT, Rondonópolis: Fundação MT, 2008. p.98-110. (Boletim de Pesquisa de Soja, 2008).

YORINORI, J.T.; YUYAMA, M.M.; SIQUERI, F.V. **Doenças da soja**. In: FUNDAÇÃO MT, Rondonópolis: Fundação MT, 2009. Pag.185-195 (Boletim de Pesquisa de Soja, 2009)

ZAMBOLIM, L. Manejo integrado da ferrugem asiática da soja. In: ZAMBOLIM, L. **Ferrugem asiática da soja**. Viçosa: UFV, 2006. cap. 5. p. 73-98.

ANEXOS

ANEXO A – Tabelas

Tabela 1 – Genealogia dos genitores tolerantes à ferrugem asiática utilizados no dialelo

Genitor	Genótipo	Genealogia
1*	USP 04-18.032	Hartwig x (Foster x FT 79-3408)
2*	USP 02-16.045	(Primavera x Foster) x (Kirby x FT-2)
3**	USP 97-08.135	IAS-5 x IAC 100
4*	USP 16.015	(IAC-Foscarin 31 x Forrest) x (Foster x FT 79-3408)
5*	USP 11-38	Foster x FT 79-3408
6*	USP 97-10.046	(Primavera x SOC 81-79) x (IAC 10 x GO 81-11.046)
7*	USP 14-06-20	IAC 4 x Conquista
8**	USP 191-102-03	[(Tainung#4 x PI 230970 F ₇₋₄) x Doko] x Ocepar 4
9**	USP 191-103-12	[(Tainung#4 x PI 230970 F ₇₋₄) x Doko] x Hakucho
10**	USP 191-104-11	(IAC PL-1 x FT 2) x Ocepar 4

* Linhagens selecionadas do trabalho de UNFRIED (2007).

** Linhagens selecionadas do trabalho de ARAÚJO (2009).

Tabela 2 – Análises de variância para verificar o efeito de conjuntos dentro de repetições do experimento da geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

FV	GL	Quadrados médios (unidade)			
		PG	NDM	APM	VA ^t
		(g/cova)	(dias)	(cm)	(notas)
Testemunhas (T)	3	3716**	4,3**	92,9**	14,8**
Conjuntos (C)	1	200	6,17	1,02	0,107
T x C	3	183	9,11	2,91	0,0912
Blocos	5	227	4,51	32*	0,125
Resíduo	35	137	4,88	9,12	0,0776
Média		78,7	129	47,2	1,96
CV (%)		14,9	1,7	6,4	14,2

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t Nota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 3 – Comparação das médias das testemunhas da geração F₂, em covas, no experimento realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

Testemunhas	PG	NDM	APM	VA
	(g/cova)	(dias)	(cm)	(notas)
BR 16	60,3 b	124 b	44 b	2,8 b
BRS 133	89,5 a	126 b	45 b	3,3 a
IAC 100	67,2 b	126 b	41 b	3,4 a
Conquista	97,3 a	138 a	60 a	3,6 a

*Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de significância.

Tabela 4 - Análises de variância das parcelas da geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

FV	GL	Quadrados médios (unidade)			
		PG	NDM	APM	VA ^t
		(g/cova)	(dias)	(cm)	(notas)
Blocos	5	1774	58,9	107	0,0657
Genótipos	54	982**	42,1**	279**	0,0713**
Entre Genitores (G)	9	1371**	51,9**	521**	0,0601**
Entre Cruzamentos (C)	44	922**	38,3**	232**	0,119**
G vs C	1	103**	124**	207**	0,138**
Resíduo	270	158	8,48	24,006	0,00991
Dentro de Cruzamentos	2617	834**	33,06**	73,7*	0,641**
Dentro de Genitores	596	539	7,19	53,6	0,363
Média dos genitores		63,6	128,2	41,5	1,81
Média dos cruzamentos		65,1	129,8	39,4	1,76
Média geral		64,8	129,5	39,8	1,77
CV (%)		19,5	2,2	12,3	5,6

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t Nota transformada pela expressão $(x+0.5)^{1/2}$.

Tabela 5- Desdobramento da análise de variância entre plantas dentro das parcelas e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) para o caractere produtividade de grãos (PG em g/cova) na geração F_2 , em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

(continua)

FV	GL	QM	h_a^2
Dentro de Cruzamentos	2617	834**	
Dentro de Cruzamento1x2	55	329	0,2740
Dentro de Cruzamento1x3	24	644	0,2323
Dentro de Cruzamento1x4	64	485	0,1481
Dentro de Cruzamento1x5	63	490	0,3781
Dentro de Cruzamento1x6	62	382	-0,1643
Dentro de Cruzamento1x7	44	1233**	0,7098
Dentro de Cruzamento1x8	58	1307**	0,7117
Dentro de Cruzamento1x9	51	678	0,4096
Dentro de Cruzamento1x10	39	801**	0,2526
Dentro de Cruzamento2x3	62	585	0,1458
Dentro de Cruzamento2x4	58	565	0,2592
Dentro de Cruzamento2x5	52	595	0,4790
Dentro de Cruzamento2x6	59	365	-0,2307
Dentro de Cruzamento2x7	64	765	0,5257
Dentro de Cruzamento2x8	56	1293**	0,7043
Dentro de Cruzamento2x9	60	463	0,1227
Dentro de Cruzamento2x10	57	1295**	0,5337
Dentro de Cruzamento3x4	59	1092**	0,3821
Dentro de Cruzamento3x5	61	1527**	0,6295
Dentro de Cruzamento3x6	60	756**	0,0661
Dentro de Cruzamento3x7	62	912**	0,3210
Dentro de Cruzamento3x8	60	889**	0,2818
Dentro de Cruzamento3x9	61	702	0,0568
Dentro de Cruzamento3x10	63	1110**	0,2256
Dentro de Cruzamento4x5	61	595	0,1849
Dentro de Cruzamento4x6	62	325	-0,9243
Dentro de Cruzamento4x7	63	974**	0,4476
Dentro de Cruzamento4x8	62	784**	0,2892
Dentro de Cruzamento4x9	61	845**	0,3127
Dentro de Cruzamento4x10	60	1172**	0,3358
Dentro de Cruzamento5x6	60	462	-0,1159
Dentro de Cruzamento5x7	61	1066**	0,5976
Dentro de Cruzamento5x8	58	1073**	0,5825
Dentro de Cruzamento5x9	61	559	0,1557
Dentro de Cruzamento5x10	56	983**	0,3184

Tabela 5 - Desdobramento da análise de variância dentro das parcelas para o caractere produtividade de grãos (PG em g/cova) na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

FV	GL	QM	h_a^2
		(g/cova)	
Dentro de Cruzamento6x7	62	951**	0,4016
Dentro de Cruzamento6x8	48	1194**	0,5077
Dentro de Cruzamento6x9	61	470	-0,3025
Dentro de Cruzamento6x10	58	1435**	0,4359
Dentro de Cruzamento7x8	64	773**	0,3513
Dentro de Cruzamento7x9	60	777**	0,3244
Dentro de Cruzamento7x10	62	932**	0,2242
Dentro de Cruzamento8x9	61	944**	0,4235
Dentro de Cruzamento8x10	61	910**	0,1846
Dentro de Cruzamento9x10	61	1079**	0,2907
Dentro de Genitores	596	539	
Dentro de Genitor 1	61	233	
Dentro de Genitor 2	62	244	
Dentro de Genitor 3	62	756	
Dentro de Genitor 4	60	594	
Dentro de Genitor 5	62	376	
Dentro de Genitor 6	62	656	
Dentro de Genitor 7	62	482	
Dentro de Genitor 8	55	521	
Dentro de Genitor 9	57	568	
Dentro de Genitor 10	53	964	

Tabela 6 – Análise de variância do dialelo dos genitores para produtividade de grãos (g/cova) pelo método de Griffing (1956) (modelo 2, misto), na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

FV	GL	QM
		(g/cova)
Genótipos	54	1694**
CGC	9	7106**
CEC	45	612**
Resíduo	270	26,3
$\frac{CGC}{(CGC+CEC)}$		0,92

Nota:* e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 7 – Estimativa da Capacidade Geral de Combinação (CGC) pelo método 2 de Griffing (1956) (modelo 2, misto) dos genitores para produtividade de grãos (g/cova), na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

Genitor	Genótipo	$\hat{g}_i$	Média*
1	USP 04-18.032	-10,01	42,5 d
2	USP 02-16.045	-6,98	44,8 d
3	USP 97-08.135	5,24	69,9 b
4	USP 16.015	-5,11	54,7 d
5	USP 11-38	-4,94	54,9 d
6	USP 97-10.046	-5,93	62,3 c
7	USP 14-06-20	8,40	77,7 b
8	USP 191-102-03	11,5	84,4 a
9	USP 191-103-12	-4,42	60,5 c
10	USP 191-104-11	12,3	84,2 a
Desvio padrão		1,41	

*Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de significância.

Tabela 8 – Estimativa da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (1956) (modelo 2, misto) para produtividade de grãos, na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

(continua)

Cruzamentos	$\widehat{s}_{IJ}$	Média*	Heterose (%)	Heterose padrão** (%)
1x2	-2,56	45,2 d	3,5 (20 ⁰)***	-76,7 (45 ⁰)
1x3	-4,71	55,3 d	-1,6 (27 ⁰)	-41,7 (33 ⁰)
1x4	-0,68	49 d	0,7 (24 ⁰)	-61,2 (43 ⁰)
1x5	6,39	56,2 d	15,4 (5 ⁰)	-46,2 (38 ⁰)
1x6	2,12	50,9 d	-2,8 (28 ⁰)	-53 (42 ⁰)
1x7	7,42	70,6 b	17,4 (3 ⁰)	-13,5 (14 ⁰)
1x8	1,75	68 b	7,2 (16 ⁰)	-16,9 (17 ⁰)
1x9	1,79	52,1 d	1,2 (23 ⁰)	-51,6 (39 ⁰)
1x10	-7,09	59,9 c	-5,4 (35 ⁰)	-29,7 (29 ⁰)
2x3	7,04	70,1 b	22,2 (1 ⁰)	-15,1 (16 ⁰)
2x4	5,71	58,4 c	17,4 (4 ⁰)	-40,8 (31 ⁰)
2x5	3,73	56,6 d	13,5 (10 ⁰)	-44,4 (34 ⁰)
2x6	-6,79	45,1 d	-15,8 (44 ⁰)	-62,8 (44 ⁰)
2x7	-2,94	63,2 c	3,2 (22 ⁰)	-25,2 (28 ⁰)
2x8	6,84	76,1 b	17,9 (2 ⁰)	-4 (9 ⁰)
2x9	-2,34	51 d	-3,1 (29 ⁰)	-52,6 (41 ⁰)
2x10	3,28	73,3 b	13,7 (9 ⁰)	-8,3 (11 ⁰)
3x4	2,78	67,7 b	8,7 (14 ⁰)	-17,7 (18 ⁰)
3x5	-0,61	64,5 c	3,4 (21 ⁰)	-22,8 (24 ⁰)
3x6	-0,62	63,5 c	-4 (32 ⁰)	-23,1 (25 ⁰)
3x7	2,83	81,2 a	10,1 (13 ⁰)	3,4 (5 ⁰)
3x8	-5,53	76 b	-1,5 (26 ⁰)	-3,5 (8 ⁰)
3x9	3,90	69,5 b	6,6 (17 ⁰)	-14,1 (15 ⁰)
3x10	5,67	87,9 a	14,2 (8 ⁰)	12 (4 ⁰)
4x5	3,59	58,3 c	6,4 (18 ⁰)	-37,3 (30 ⁰)
4x6	0,81	54,5 d	-6,7 (36 ⁰)	-41,3 (32 ⁰)
4x7	-4,96	63,1 c	-4,7 (34 ⁰)	-23,6 (27 ⁰)
4x8	-8,61	62,5 c	-10 (40 ⁰)	-23,2 (26 ⁰)
4x9	-6,68	48,6 d	-15,7 (43 ⁰)	-52,3 (40 ⁰)
4x10	7,77	79,7 b	14,8 (6 ⁰)	1,4 (6 ⁰)

Tabela 8 – Estimativa da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (1956) (modelo 2, misto) para produtividade de grãos, na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

(conclusão)

Cruzamentos	$\widehat{s}_{ij}$	Média*	Heterose (%)	Heterose padrão (%)
5x6	-2,20	51,7 d	-11,7 (41 ⁰)	-46,1 (37 ⁰)
5x7	-2,45	65,8 c	-0,8 (25 ⁰)	-19,5 (21 ⁰)
5x8	1,98	73,3 b	5,3 (19 ⁰)	-7,8 (10 ⁰)
5x9	-3,18	52,2 d	-9,5 (39 ⁰)	-45,9 (36 ⁰)
5x10	-7,20	64,9 c	-6,7 (37 ⁰)	-19,9 (23 ⁰)
6x7	-2,35	64,9 c	-7,3 (38 ⁰)	-19,7 (22 ⁰)
6x8	0,36	70,7 b	-3,6 (30 ⁰)	-10,9 (12 ⁰)
6x9	-3,45	51 d	-17 (45 ⁰)	-45,2 (35 ⁰)
6x10	-6,63	64,5 c	-12 (42 ⁰)	-19,4 (20 ⁰)
7x8	7,99	92,7 a	14,3 (7 ⁰)	17,2 (1 ⁰)
7x9	-2,25	66,5 c	-3,8 (31 ⁰)	-17,7 (19 ⁰)
7x10	4,41	89,8 a	11 (11 ⁰)	13,7 (3 ⁰)
8x9	-2,42	69,4 b	-4,1 (33 ⁰)	-12,8 (13 ⁰)
8x10	4,47	93 a	10,4 (12 ⁰)	17 (2 ⁰)
9x10	5,50	78,1 b	8 (15 ⁰)	-0,8 (7 ⁰)

Desvio Padrão 4,74

*Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott-Knot, ao nível de 5% de significância.

**Heterose padrão: heterose do cruzamento em relação a media das testemunhas comuns.

***(): ordem de classificação, do maior para o menor.

Tabela 9 – Estimativa do parâmetro $\hat{s}_{11}$ dos genitores da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (1956) (modelo 2, misto) para produtividade de grãos, na geração F₂, em covas, realizado na ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2006/07

$\hat{s}_{11}$	Estimativa
S ₁₁	-2,21
S ₂₂	-5,99
S ₃₃	-5,38
S ₄₄	0,14
S ₅₅	-0,02
S ₆₆	9,38
S ₇₇	-3,85
S ₈₈	-3,42
S ₉₉	4,57
S _{10 10}	-5,09
Desvio Padrão	4,25

Tabela 10 - Resumo da análise de variância conjunta dos experimentos dos genitores, realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

FV	GL	Quadrados médios				
		PG	NDM	AP	AC ^t	VA ^t
		(Kg/ha)	(dias)	(cm)	(notas)	(notas)
Locais (L)	2	52269505,2**	330,13**	26273,08**	1,35**	4,27**
Fungicidas (F)	1	34980200,6**	8073,51**	501,03**	0,097	5,56**
Genótipos (G)	13	8180413,1**	574,67**	5100,67**	1,13**	0,777**
Genitores	9	5560295,3**	418,52**	6342,62**	1,21**	0,899**
Testemunhas	3	10372718,5**	56,63**	1236,45**	0,287**	0,235**
Genitores vs Testemunhas	1	1618266,6	4,30	304,76*	0,077	0,236*
L x F	2	21009867,8**	153,65**	346,74**	0,0037	1,50**
L x G	26	2944894,3**	12,24**	81,83	0,091**	0,088**
F x G	13	406393,2	20,94**	81,51	0,049	0,099*
L x F x G	26	634109,0	6,59**	32,27	0,029	0,049
Blocos / L / F	36	1886448,0**	10,67**	194,87**	0,133**	0,245**
Resíduo	468	560837,1	3,23	59,46	0,033	0,038
Média geral		3022	130	85	2,68	1,74
CV (%)		24,8	1,4	9,1	6,8	11,2

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t Nota transformada pela expressão $(x+0.5)^{1/2}$.

Tabela 11 - Resumo do Grupo de Maturação (GM) dos genótipos avaliados na geração F_{2:3}, nos experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

(Continua)

Cruzamentos	Grupo de Maturação (GM)					
	MIN	MAX	Amplitude	Média	Desvio Padrão	NDM
1x2	6,5 (7 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	1,2 (5 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,1053	129
1x3	6,5 (7 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,5 (3 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,0979	129
1x4	6,6 (6 ⁰)	7,6 (9 ⁰)	1,0 (8 ⁰)	7,0 (7 ⁰)	0,0511	128
1x5	6,6 (6 ⁰)	7,5 (10 ⁰)	0,9 (10 ⁰)	6,9 (8 ⁰)	0,0323	128
1x6	6,7 (5 ⁰)	7,2 (11 ⁰)	0,5 (12 ⁰)	6,9 (8 ⁰)	0,0154	128
1x7	6,8 (4 ⁰)	8,3 (2 ⁰)	1,5 (3 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,1420	132
1x8	6,9 (3 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	0,8 (10 ⁰)	7,2 (5 ⁰)	0,0426	131
1x9	6,8 (4 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	0,9 (9 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,0627	129
1x10	6,9 (3 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,0 (7 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,0929	131
2x3	6,6 (6 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,4 (5 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,0799	129
2x4	6,4 (8 ⁰)	8,2 (3 ⁰)	1,8 (1 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,1553	129
2x5	6,6 (6 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	1,1 (7 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,0813	130
2x6	6,4 (8 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	1,3 (6 ⁰)	7,0 (7 ⁰)	0,0981	128
2x7	6,7 (5 ⁰)	8 (5 ⁰)	1,3 (6 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,0870	132
2x8	6,6 (6 ⁰)	8,3 (2 ⁰)	1,7 (2 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,1615	132
2x9	6,6 (6 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	1,1 (7 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,0667	131
2x10	7,0 (2 ⁰)	8,4 (1 ⁰)	1,4 (3 ⁰)	7,7 (1 ⁰)	0,1140	135
3x4	6,7 (5 ⁰)	8,1 (4 ⁰)	1,4 (3 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,1136	132
3x5	6,6 (6 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,3 (5 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,1006	131
3x6	6,6 (6 ⁰)	8,2 (3 ⁰)	1,6 (2)	7,4 (3 ⁰)	0,1666	132
3x7	7,0 (2 ⁰)	8,1 (4 ⁰)	1,1 (7)	7,5 (2 ⁰)	0,1094	133
3x8	6,6 (6 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,4 (4)	7,3 (4 ⁰)	0,0911	132
3x9	6,7 (5 ⁰)	7,8 (7 ⁰)	1,1 (7)	7,3 (4 ⁰)	0,0711	131
3x10	6,8 (4 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,2 (7)	7,2 (5 ⁰)	0,0974	131
4x5	6,9 (3 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1 (8)	7,1 (6 ⁰)	0,0361	129
4x6	6,8 (4 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,1 (7)	7,0 (7 ⁰)	0,0536	129
4x7	6,8 (4 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,1 (7)	7,2 (5 ⁰)	0,0597	131
4x8	6,8 (4 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	0,9 (9)	7,2 (5 ⁰)	0,0538	131
4x9	6,7 (5 ⁰)	7,6 (9 ⁰)	0,9 (10)	7,1 (6 ⁰)	0,0403	130
4x10	7,1 (1 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	0,9 (9)	7,5 (2 ⁰)	0,0321	133
5x6	6,8 (4 ⁰)	7,5 (10 ⁰)	0,7 (10)	7,1 (6 ⁰)	0,0295	129

Tabela 11 - Resumo do Grupo de Maturação (GM) dos genótipos avaliados na geração F_{2:3}, nos experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

(Conclusão)

Cruzamentos	Grupo de Maturação (GM)					
	MIN	MAX	Amplitude	Média	Desvio Padrão	NDM
5x7	7,0 (2 ⁰)	7,8 (7 ⁰)	0,8 (10 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,0397	132
5x8	6,9 (3 ⁰)	7,8 (7 ⁰)	0,9 (9 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,0602	131
5x9	6,8 (4 ⁰)	7,6 (9 ⁰)	0,8 (11 ⁰)	7,2 (5 ⁰)	0,0517	130
5x10	6,8 (4 ⁰)	8,1 (4 ⁰)	1,3 (4 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,0954	132
6x7	6,9 (3 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,0 (8 ⁰)	7,5 (2 ⁰)	0,0751	133
6x8	6,9 (3 ⁰)	7,8 (7 ⁰)	0,9 (9 ⁰)	7,3 (4 ⁰)	0,0516	131
6x9	6,8 (4 ⁰)	7,5 (10 ⁰)	0,7 (11 ⁰)	7,1 (6 ⁰)	0,0305	130
6x10	6,5 (7 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,5 (3 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,1107	132
7x8	6,9 (3 ⁰)	8,0 (5 ⁰)	1,1 (7 ⁰)	7,5 (2 ⁰)	0,0675	133
7x9	6,9 (3 ⁰)	8,2 (3 ⁰)	1,3 (5 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,0793	132
7x10	7,1 (1 ⁰)	8,2 (3 ⁰)	1,1 (8 ⁰)	7,7 (1 ⁰)	0,1038	135
8x9	7,1 (1 ⁰)	7,7 (8 ⁰)	0,6 (12 ⁰)	7,4 (3 ⁰)	0,0326	132
8x10	7,0 (2 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	0,9 (9 ⁰)	7,5 (2 ⁰)	0,0578	133
9x10	6,8 (4 ⁰)	7,9 (6 ⁰)	1,1 (7 ⁰)	7,5 (2 ⁰)	0,0721	133
Genitor 1				6,7		126
Genitor 2				6,7		126
Genitor 3				6,9		128
Genitor 4				6,9		128
Genitor 5				6,9		128
Genitor 6				6,9		128
Genitor 7				7,6		134
Genitor 8				7,2		131
Genitor 9				7,1		129
Genitor 10				7,8		135
BR16				6,7		126
BRS133				7,0		129
IAC100				7,2		131
CONQUISTA				8,1		139

Tabela 12 - Resumo da análise de variância dos genótipos da geração $F_{2:3}$, testados em três locais (Anhembí, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

FV	GL	Quadrados médios				
		PG	NDM	AP	AC ^t	VA ^t
		(Kg/ha)	(dias)	(cm)	(notas)	(notas)
Locais (L)	2	433727556**	8482**	323789**	44,79**	5,563**
Fungicidas (F)	1	765782620**	79055**	648,0**	8,768**	6,499**
Genótipos (G)	1270	2113902**	50,59**	679,6**	0,1548**	0,1838**
L x F	2	98750515**	1941**	2908**	0,6135**	0,4518**
L x G	2540	1135017**	7,259**	93,72**	0,0591**	0,0542**
F x G	1270	812439**	6,079**	81,80**	0,0554**	0,0507**
L x F x G	2540	737891**	5,658**	82,187**	0,0532**	0,0471**
Resíduo	468	560837	3,23	59,46	0,033	0,038
Média geral		3085	131	83,6	1,49	1,73
CV (%)		24,3	1,4	9,2	12,2	11,3

Tabela 13- Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre os genótipos dos experimentos com progênies F_{2:3} realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), na safra 2007/08

(Continua)

Cruzamentos ¹	Frequência das progênies									
	PG		NDM		APM		AC		VA	
	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²
1x2	5	5	-	4	-	8	1	24	-	12
1x3	-	14	-	3	-	7	1	16	1	17
1x4	2	5	-	6	-	12	-	27	1	6
1x5	7	6	1	6	-	5	1	24	2	9
1x6	6	2	-	1	-	8	-	28	-	5
1x7	2	9	1	-	-	4	2	16	9	4
1x8	3	5	-	-	-	-	3	16	1	7
1x9	1	11	-	-	-	6	-	26	4	9
1x10	2	9	-	-	-	1	1	15	5	4
2x3	1	8	-	3	-	4	1	23	2	10
2x4	14	2	1	5	-	6	2	21	1	9
2x5	11	2	-	2	-	1	2	21	-	7
2x6	8	2	-	7	-	9	-	22	-	12
2x7	3	3	-	1	-	1	-	19	5	3
2x8	9	3	1	2	7	-	7	14	3	7
2x9	3	8	-	-	-	4	1	22	4	9
2x10	5	2	3	-	-	-	7	11	5	1
3x4	2	3	1	1	-	2	5	14	2	4
3x5	2	5	-	1	-	2	4	13	8	5
3x6	1	7	3	1	-	2	4	14	5	5
3x7	2	8	-	-	-	-	2	15	10	1
3x8	2	6	-	1	-	1	8	11	5	5
3x9	3	1	-	1	-	1	4	16	14	1
3x10	2	1	-	-	-	-	4	12	9	4
4x5	11	-	-	-	-	1	-	26	1	3
4x6	17	1	-	-	-	2	1	27	2	4
4x7	4	5	-	-	-	3	1	21	6	4
4x8	6	3	-	-	-	1	8	14	-	6
4x9	3	2	-	1	-	1	1	21	6	1
4x10	5	4	-	-	-	-	7	9	6	3
5x6	16	-	-	-	-	-	-	26	2	3
5x7	6	2	-	-	-	-	1	22	15	-
5x8	12	2	-	-	-	-	4	13	2	3
5x9	3	6	-	-	-	-	2	19	3	6
5x10	6	3	1	-	-	-	6	12	9	1

Tabela 13 –Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre os genótipos dos experimentos com progênies F_{2:3} realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), na safra 2007/08

(Conclusão)

Cruzamentos ¹	Frequência das progênies									
	PG		NDM		APM		AC		VA	
	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²	Maiores ²	Menores ²
6x7	6	6	-	-	-	-	-	24	13	2
6x8	5	1	-	-	-	-	4	16	1	3
6x9	3	7	-	-	-	1	1	23	7	2
6x10	10	2	-	1	-	1	6	10	6	2
7x8	9	1	-	-	-	-	14	6	14	1
7x9	5	6	2	-	-	-	4	10	13	-
7x10	7	1	2	-	-	-	11	3	21	-
8x9	8	-	-	-	-	-	8	8	8	-
8x10	8	2	-	-	-	-	14	6	5	-
9x10	10	3	-	-	-	-	6	8	18	-
TOTAL ³	256	184	16	47	7	94	159	764	252	202
Genitor 1	c		g		f		c		c	
Genitor 2	b		g		f		c		c	
Genitor 3	d		f		e		c		c	
Genitor 4	b		f		e		c		b	
Genitor 5	b		f		e		c		c	
Genitor 6	b		f		e		c		c	
Genitor 7	b		d		d		b		a	
Genitor 8	b		e		c		a		b	
Genitor 9	b		e		e		c		a	
Genitor 10	b		c		c		a		a	
BR 16	c		g		e		c		c	
BRS 133	b		e		e		c		b	
IAC 100	d		e		d		b		a	
Conquista	d		a		c		b		a	
N ⁰ de grupos ⁴	4		7		7		3		4	

¹Cada cruzamento tinha 28 progênies.

² São apresentadas as freqüências das progênies nos grupos extremos: **maiores** = todas as progênies da coluna tem médias letra “a”; e **menores** = todas as progênies da coluna tem médias iguais à menor letra possível de acordo com o grupo; também são apresentadas as letras dos genitores e das testemunhas. Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott e Knott.

³Total de progênies similares dentro do grupo. Ex: 256 – todas as 256 progênies são iguais entre si.

⁴N⁰: total de grupos obtidos pelo teste de Scott-Knott. Ex: 7 grupos– letras: a, b, c, d, e, f, g.

Tabela 14 - Análise de variância das notas de ferrugem (NF) dos genótipos da geração $F_{2:3}$, realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

FV	GL	Quadrados médios			
		NF1 ^t	NF2 ^t	NF3 ^t	MNF ^t
		(notas)	(notas)	(notas)	(notas)
Locais (L)	2	31,9**	61,4**	22,7**	14,3**
Genótipos (G)	1270	0,0577**	0,0787**	0,0589**	0,0309**
G x T	2540	0,0424	0,0367**	0,0188**	0,0095**
Resíduo	234	0,0249	0,0111	0,0092	0,0071
Média		1,74	4,22	5,12	3,55
CV (%)		9,1	2,5	1,9	2,4

Tabela 15 – Comparação das médias* das notas de ferrugem (NF) dos genótipos da geração $F_{2:3}$, realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

Locais	NF1	NF2	NF3	MNF
Anhembi	2,4 a	5,0 b	6,3 a	4,5 a
Areão	1,6 b	3,0 c	5,1 b	3,1 c
ESALQ	1,2 c	5,3 a	6,3 a	4,1 b

*: médias seguidas pela mesma letra, em cada coluna, não diferem entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

Tabela 16 – Número de progênies por cruzamento após a classificação dos genótipos da geração F_{2:3} quanto à reação à ferrugem asiática, em experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

(Continua)

Cruzamentos	T*	MT*	MS*	S*	Total
1x2	-	5	-	23	28
1x3	-	4	-	24	28
1x4	-	10	-	17	27
1x5	1	11	-	16	28
1x6	-	6	-	21	27
1x7	3	2	8	15	28
1x8	-	6	1	21	28
1x9	-	7	-	21	28
1x10	2	9	3	14	28
2x3	-	11	2	15	28
2x4	-	10	-	17	27
2x5	-	7	1	20	28
2x6	-	5	-	23	28
2x7	-	4	4	19	27
2x8	3	6	8	11	28
2x9	-	4	6	18	28
2x10	11	-	11	6	28
3x4	1	4	2	21	28
3x5	-	7	1	20	28
3x6	1	4	2	21	28
3x7	2	5	10	11	28
3x8	1	8	1	18	28
3x9	-	9	5	14	28
3x10	2	4	3	19	28
4x5	-	6	-	22	28
4x6	-	9	-	19	28
4x7	3	2	1	22	28
4x8	-	6	3	19	28
4x9	3	7	2	16	28
4x10	4	1	9	14	28
5x6	-	10	-	18	28
5x7	-	6	3	19	28
5x8	-	5	-	23	28
5x9	-	3	-	25	28
5x10	1	3	3	20	27

Tabela 16 – Número de progênies por cruzamento após a classificação dos genótipos da geração F_{2:3} quanto à reação à ferrugem asiática, em experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

(Continua)

Cruzamentos	T*	MT*	MS*	S*	Total
5x10	1	3	3	20	27
6x7	-	7	5	16	28
6x8	2	6	1	18	27
6x9	5	10	4	9	28
6x10	2	6	4	16	28
7x8	4	2	12	10	28
7x9	4	6	8	10	28
7x10	4	3	12	8	27
8x9	6	2	12	8	28
8x10	8	1	11	8	28
9x10	5	1	16	6	28
Genitor1	-	-	-	1	1
Genitor2	-	-	-	1	1
Genitor3	-	-	-	1	1
Genitor4	-	-	-	1	1
Genitor5	-	-	-	1	1
Genitor6	-	-	-	1	1
Genitor7	-	-	-	1	1
Genitor8	-	1	-	-	1
Genitor9	-	-	-	1	1
Genitor10	-	-	-	1	1
BR 16	-	-	-	1	1
BRS 133	-	-	-	1	1
IAC 100	-	-	-	1	1
Conquista	-	-	-	1	1
Total	79	250	174	764	1267
Média PG	3197	3043	3110	3065	
Média EF	196	233	-918	-984	
Média MNF	3,17	3,89	3,20	3,89	

*T: Tolerantes; MT: Moderadamente Tolerantes; MS: Moderadamente Suscetíveis; S: Suscetíveis.

Tabela 17 – Melhores progênies tolerantes (T) de cada cruzamento entre os genótipos da geração F_{2:3} quanto à reação à ferrugem asiática, em experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

Cruzamento	Nº	Média PG	EF	MNF	NDM	GM
1x7	147	3810 a	750,0	3,22	140	8,2
1x7	157	3682 a	386,7	3,04	136	7,8
1x10	237	3692 a	260,0	3,13	134	7,6
1x10	244	3933 a	153,3	3,14	137	7,9
2x8	405	3685 a	-126,7	2,98	138	8,0
2x8	416	3703 a	-187,0	3,31	132	7,4
2x10	450	4039 a	190,0	3,00	136	7,7
2x10	451	3666 a	147,0	3,11	139	8,1
2x10	460	3652 a	120,0	3,09	138	7,9
2x10	464	3758 a	-140,0	2,75	136	7,8
2x10	465	3689 a	53,0	2,78	138	7,9
2x10	466	3757 a	-60,0	3,30	135	7,7
2x10	470	3937 a	70,0	3,29	135	7,6
2x10	471	3753 a	7,0	2,96	141	8,3
2x10	475	3734 a	187,0	3,09	135	7,7
3x7	573	4000 a	447,0	2,87	137	7,9
3x7	601	3907 a	-133,0	3,29	136	7,7
3x7	832	3856 a	833,0	3,21	137	7,9
6x10	1073	3647 a	407,0	3,16	135	7,7
7x10	1157	3933 a	-73,0	3,13	137	7,9
7x10	1159	4130 a	-167,0	3,07	135	7,7
8x10	1207	3693 a	-100,0	3,03	135	7,7
8x10	1212	3726 a	173,0	3,38	136	7,8
8x10	1218	3899 a	-193,0	2,93	135	7,7
9x10	1234	3681 a	693,0	3,14	135	7,6
9x10	1244	3718 a	-80,0	2,90	137	7,9
9x10	1260	4310 a	1000,0	2,83	136	7,8

Tabela 18 – Melhores progênies moderadamente tolerantes (MT) de cada cruzamento entre os genótipos da geração $F_{2:3}$ quanto à reação à ferrugem asiática, em experimentos realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ-sede), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

Cruzamento	Nº da Progênie	PG	EF	MNF	NDM	GM
1x4	73	3753 a	-180,00	3,74	129	6,9
1x5	98	3773 a	146,67	4,27	128	6,9
1x5	105	3865 a	-106,67	4,26	127	6,8
1x6	123	4429 a	226,67	4,04	128	6,9
1x10	229	3652 a	313,33	3,77	130	7,1
1x10	249	3689 a	-100,00	4,04	129	7,0
2x4	283	3668 a	40,00	3,59	132	7,3
2x4	287	3898 a	173,33	3,97	131	7,2
2x4	292	3940 a	193,33	3,95	129	7,0
2x4	294	4000 a	70,00	5,27	130	7,1
2x4	298	3700 a	-113,33	4,52	127	6,7
2x4	300	3850 a	886,67	5,10	128	6,9
2x5	318	3948 a	-150,00	4,18	134	7,5
2x5	325	4330 a	-133,33	4,36	130	7,1
2x6	346	3877 a	-173,33	4,43	127	6,7
2x6	347	3673 a	280,00	4,15	127	6,7
2x6	354	4182 a	200,00	3,75	131	7,3
2x7	380	3682 a	206,67	4,05	133	7,4
2x8	402	3833 a	680,00	3,64	131	7,2
2x9	447	3943 a	-120,00	3,68	134	7,5
3x6	535	3642 a	-26,67	4,25	125	6,6
3x9	640	3813 a	1453,33	3,66	128	6,9
4x6	701	4313 a	-66,67	3,79	130	7,0
4x6	702	3889 a	306,67	4,01	128	6,9
4x6	712	3727 a	320,00	4,14	129	6,9
4x6	722	3673 a	180,00	4,00	127	6,7
4x6	725	3883 a	1140,00	4,12	128	6,9
4x7	755	3710 a	120,00	4,07	129	7,0
4x8	772	3663 a	213,33	3,61	129	7,0
4x8	781	4237 a	226,67	3,69	128	6,9
4x9	810	3949 a	1770,00	3,57	131	7,3
5x6	849	4130 a	240,00	4,35	129	6,9
5x6	860	3908 a	50,00	4,25	128	6,8
5x6	862	3694 a	633,33	4,08	129	7,0
5x6	863	3693 a	-46,67	3,73	128	6,9
5x6	866	3830 a	633,33	3,97	129	6,9
5x6	867	3726 a	300,00	3,73	129	7,0
6x7	997	3976 a	-20,00	3,50	135	7,7
6x8	1009	3822 a	240,00	3,40	136	7,7
3x7	1064	4073 a	340,00	3,76	130	7,1
6x10	1079	3864 a	520,00	3,54	133	7,4
6x10	1091	5103 a	673,33	4,12	131	7,2
7x8	1096	4375 a	413,33	3,50	134	7,6
7x9	1140	3646 a	573,33	3,84	133	7,4

ANEXO B – Figuras

REPETIÇÃO J* 64 Parcelas	CONJUNTO 1 32 Parcelas	<ul style="list-style-type: none"> • 23 Cruzamentos • 5 Genitores • 4 Testemunhas Comuns (IAC 100; Conquista; BRS 133 e BR 16)
	CONJUNTO 2 32 Parcelas	<ul style="list-style-type: none"> • 22 Cruzamentos • 5 Genitores • 4 Testemunhas Comuns (IAC 100; Conquista; BRS 133 e BR 16) • 1 Genótipo Adicional**
<ul style="list-style-type: none"> • 1 Parcela = 12 covas 0,80 m x 0,80 m 		
<ul style="list-style-type: none"> • 1 Cova = 1 planta individual 		

*Repetição J: J variando de 1 a 6.

** genótipo adicional foi utilizado para que os dois conjuntos tivessem o mesmo número de parcelas.

Figura 1 – Esquema de campo do experimento da geração F₂, em covas, realizado na ESALQ-sede, Piracicaba-SP, safra 2006/07

Conjunto K* 184 parcelas	<ul style="list-style-type: none"> • 180 progênies $F_{2:3}$ (4 progênies/cruzamentos)
	<ul style="list-style-type: none"> • 4 Testemunhas Comuns (IAC 100; Conquista; BRS 133 e BR16)
<ul style="list-style-type: none"> • 1 Parcela = 1 fileira de 2,0m x 0,5m 	

*Conjunto K: variando de 1 a 7.

Figura 2 – Esquema de campo dos experimentos com progênies $F_{2:3}$, realizados em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ-sede), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08

Figura 3 – Representação gráfica dos quadrantes obtidos pela análise conjunta do efeito ferrugem (EF) e das médias das notas de ferrugem (MNF)

Figura 4 – Regressão linear para determinação do Grupo de Maturação (GM) das progênies $F_{2:3}$ estimado segundo Alliprandini et al, (2009), avaliadas em três locais (Anhembi, Areão e ESALQ-sede), com dois experimentos de fungicidas/local (Opera & Impact Duo e Derosal), na safra 2007/08