

**VARIABILIDADE PATOGÊNICA DE *COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA* ISOLADO
DE MILHO (*ZEA MAYS* L.)**

MAURICIO PIRES MACHADO BARBOSA

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, para a obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Fitopatologia.

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo – Brasil
Dezembro - 2001

**VARIABILIDADE PATOGÊNICA DE *COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA* ISOLADO
DE MILHO (*ZEA MAYS* L.)**

MAURICIO PIRES MACHADO BARBOSA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **LUIS EDUARDO ARANHA CAMARGO**

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, para a obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Fitopatologia.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo – Brasil

Dezembro - 2001

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Barbosa, Mauricio Pires Machado

Variabilidade patogênica de *Colletrotrichum graminicola* isolado de milho (*Zea mays* L.). - - Piracicaba, 2001.

96 p. : il.

Dissertação (mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2002.

Bibliografia./

1. Antracnose 2. Fungo fitopatogênico 3. Milho 4. Podridão (Doença de planta) I. Título

CDD 633.15

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

À meu Pai e

Mãe

DEDICO

À minha esposa, Elaine

E meu filho Thiago

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Luiz Eduardo Aranha Camargo, pela orientação, incentivo, dedicação, amizade e compreensão;
- A minha mãe Noemia e irmãos Elisangela e Franz, pela convivência, incentivo e amor dedicado todos estes anos;
- A minha esposa Elaine, pela dedicação e ajuda com o manuscrito;
- Ao amigo, mentor e exemplo Herberte Pereira da Silva, pelas facilidades oferecidas para realização do trabalho, idéias e orientação profissional;
- Aos funcionários da Dow Agrosiences, pelo auxílio na condução dos ensaios;
- Aos amigos Roberto Carvalho, Ivan Rezende e Élcio Alves, pelo material vegetal enviado para isolamento do patógeno;
- Ao amigo Luciano Nass e ao Prof. Cláudio Lopes, pelas linhagens;
- Aos compadre Dr. Luiz Humberto Gomes e Dra. Keila M. Duarte, pela amizade, experiência e orientação nos momentos difíceis;
- Aos colegas de laboratório, Célia C. Malvas, Regina Coêlho, Daniela Truffi, Kátia Brunelli, Andréia Nakatami, Adriani e tantos outros que por ali passaram, pela convivência, amizade e troca de experiências;

- Aos amigos Jaqueline Fogaça e Matheus Santos, que muito colaboraram para reprodução das linhagens e ao amigo Gildemberg Leal Jr. pela ajuda com a entrega desta;
- Aos professores do Depto. de Entomologia, Fitopatologia e Zoologia Agrícola, pelos ensinamentos e estímulos;
- Aos funcionários do Depto. de Entomologia, Fitopatologia e Zoologia Agrícola, em especial, Fernanda, Rodolfo e Heloisa, que muito colaboraram para execução deste trabalho;
- Aos amigos da RPD Lesma Lerda, pela amizade, convivência e mulambagem;
- Aos colegas da Monsanto do Brasil, pela compreensão pelos momentos de ausência;
- À mãe GLORIOSA, ESALQ, pela estrutura e formação;
- À FAPESP pela condição dada à realização desta dissertação

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS.....	viii
LISTA DE TABELAS.....	x
RESUMO.....	xii
SUMMARY.....	xiv
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 <i>Colletotrichum graminicola</i> em milho.....	3
2.2 Variabilidade de <i>Colletotrichum graminicola</i>	5
2.3 Ferramentas moleculares no estudo da variabilidade genética de <i>Colletotrichum graminicola</i>	10
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	12
3.1 Material Vegetal.....	12
3.2 Isolamento de <i>Colletotrichum graminicola</i>	15
3.3 Estimativa de divergência genética entre isolados de <i>C. graminicola</i>	17
3.3.1 Extração de DNA.....	17
3.3.2 Amplificação de fragmentos RAPD.....	18
3.3.3 Construção de dendrograma.....	19
3.4 Ensaios de campo.....	20

3.4.1. Estudo da interação patógeno X hospedeiro X ambiente para podridão do colmo...	20
3.4.2 Estudo da variabilidade patogênica de <i>C. graminicola</i> através da reação de linhagens à inoculação no colmo.....	21
3.4.3 Estudo da variabilidade patogênica de <i>C. graminicola</i> através da reação das linhagens à inoculação nas folhas.....	22
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
4.1. Isolamento de <i>C. graminicola</i>	24
4.2 Estimativa da divergência genética entre isolados de <i>C. graminicola</i>	24
4.3 Estudo da interação patógeno X hospedeiro X ambiente.....	31
4.4 Estudo da variabilidade patogênica de <i>C. graminicola</i> através da reação das linhagens à inoculação no colmo.....	37
4.5 Estudo da variabilidade patogênica de <i>C. graminicola</i> através da reação das linhagens à inoculação nas folhas.....	42
5 CONCLUSÕES.....	46
ANEXOS.....	47
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	90

LISTA DE FIGURAS

	Página
1 Amplificação de DNA de <i>C. graminicola</i> utilizando o kit Ready to GoAnalysis Beads (Amersham Pharmacia Biotech) e primer OPAB 14 (Operon).....	25
2 Dendrograma de similaridade genética entre isolados de <i>C. graminicola</i>	28
3 Gráfico da relação co-fenética entre a matriz de similaridade e a matriz gerada pelo dendrograma.....	28
4 Reação das linhagens Z64 e Z86 frente aos isolados de <i>Colletotrichum graminicola</i> no experimento realizado em Iraí de Minas.....	33

5	Reação das linhagens Z64 e Z86 frente aos isolados de <i>Colletotrichum graminicola</i> no experimento realizado em Rio Verde.....	33
6	Agressividade de isolados de <i>Colletotrichum graminicola</i> frente a 10 linhagens de milho, avaliada pela área lesionada do colmo (cm ²).....	38
7	Reação de 10 linhagens de milho frente à isolados de <i>Colletotrichum graminicola</i> avaliada pela área lesionada de colmo.....	41
8	Reação de 10 linhagens de milho frente à isolados de <i>Colletotrichum graminicola</i> avaliada pela área foliar lesionada.....	44

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Características das linhagens de milho do programa de Melhoramento utilizadas nos ensaios.....	14
2 Código e origem dos isolados de <i>C. graminicola</i>	16
3 Matriz de similaridade entre isolados de <i>C. graminicola</i>	27
4 Quadro da análise da variância do experimento realizado em Iraí de Minas.....	34
5 Quadro da análise da variância do experimento realizado em Rio Verde.....	34
6 Quadro da análise conjunta da variância dos experimentos realizados em Rio Verde e Iraí de Minas.....	35

7	Comparação entre as médias da área lesionada no ensaio realizado em Rio Verde de acordo com critério de desmembramento Tukey-Kramer, em relação à linhagem resistente Z64.....	35
8	Quadro da análise da variância do experimento realizado em Cravinhos.....	37
9	Teste de Tukey para a área média do colmo lesionada em relação às 10 linhagens utilizadas.....	38
10	Quadro da análise da variância do ensaio realizado em casa de vegetação.....	42

**VARIABILIDADE PATOGÊNICA DE *COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA* (CES.)
G. W. WILS. ISOLADO DE MILHO (*ZEAMAYS* L.)**

Autor: MAURICIO PIRES MACHADO BARBOSA

Orientador: Prof. Dr. LUIS EDUARDO ARANHA CAMARGO

RESUMO

A antracnose foliar e a podridão do colmo do milho, doenças causadas pelo fungo *Colletotrichum graminicola*, são consideradas de grande importância em muitas regiões produtoras do Brasil e do mundo, sendo o controle realizado unicamente através da resistência. A eficácia da utilização de genes de resistência no controle de doenças de plantas depende da existência ou não de raças do patógeno capazes de vencê-los. Ensaio para determinar a variabilidade patogênica e genética de *Colletotrichum graminicola* isolado de milho foram realizados com isolados coletados em regiões produtoras situadas nos Estados de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso do Sul, São Paulo e Maranhão. Os isolados foram comparados geneticamente entre si com auxílio de marcadores moleculares do tipo RAPD, comparando-se os padrões de bandas e realizando-se agrupamento de similaridade entre eles. Após o

agrupamento, cinco isolados foram selecionados para realização de estudos de virulência e agressividade frente a linhagens de milho. Experimentos foram conduzidos a campo para avaliação de antracnose no colmo e em casa de vegetação para avaliação de antracnose foliar. Análises dos ensaios de campo mostraram que não houve interação diferencial entre genótipos do patógeno e do hospedeiro quando se avalia resistência à antracnose do colmo e folha, levando a conclusão que para as fontes de resistência e isolados utilizados neste trabalho, não foi possível a identificação de raças de *Colletotrichum graminicola*. A correlação entre área do colmo lesionada e área foliar afetada foi baixa, evidenciando que os mecanismos que conferem resistência à podridão de colmo e antracnose foliar provavelmente não são os mesmos.

**PATHOGENIC VARIABILITY OF *COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA* (CES.) G.
W. WILS. FROM MAIZE (*ZEA MAYS* L.)**

Author: MAURICIO PIRES MACHADO BARBOSA

Adviser: Prof. Dr. LUIS EDUARDO ARANHA CAMARGO

SUMMARY

Anthracnose leaf blight and stalk rot of corn are important diseases in maize caused by *Colletotrichum graminicola*, and are considered to be very important in production corn areas throughout the world and Brazil. The control is based only on genetic resistance. The effectiveness of genetic resistance to control plant diseases depends on the existence of races of pathogens, able overcome them. Trials to study pathogenic and genetic variability of *Colletotrichum graminicola* from maize were done using isolates from Brazilian states Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso do Sul, São Paulo and Maranhão. Isolates were genetically compared using RAPDs molecular markers. After clustering, five isolates were chosen in order to conduct virulence and aggressiveness experiments in maize inbred lines. Trials were conducted in field

for evaluation of stalk rot and at green house to evaluate anthracnose leaf blight. Field trials did not show differential interaction between isolates and host genotypes, neither studying anthracnose leaf blight, nor anthracnose stalk rot, driven to conclusion that, for genotypes and isolates used in this study, we're not able to identify races of *Colletotrichum graminicola*. There was no correlation between stalk lesion area and leaf blighted area, showing that genetic resistance pathways were different.

1 Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma das principais culturas da agricultura brasileira e mundial, ocupando, no Brasil, uma área agrícola de aproximadamente 52 milhões de hectares, representando 26% da área colhida e 42% dos grãos produzidos no país. Frente à produção mundial, o Brasil é o terceiro maior produtor, atrás somente dos EUA e China. A produtividade brasileira, no entanto, é de 2500 kg/ha, sendo ainda baixa quando comparada à média dos 22 principais países produtores, que é de 3840 kg/ha, e ainda mais baixa quando comparada à média norte americana, que está próxima dos 8000 kg/ha.

São muitas as doenças da cultura do milho. Dentre elas a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wils, pode se manifestar em qualquer parte da planta, como raiz, sementes e, principalmente, colmo e folhas. No Brasil, *C. graminicola* está amplamente distribuído nas regiões produtoras de milho (Cruz et al. 1996). Porém, ao contrário do que se verifica para antracnose do sorgo causado por *Colletotrichum sublineolum*, a literatura é escassa em estudos relativos a este patossistema. Assim, o presente projeto procurou avaliar o grau de especialização fisiológica de *C. graminicola* à

genótipos de milho com o intuito de fornecer subsídios para estratégias de melhoramento voltadas à obtenção de genótipos superiores e duráveis.

2 Revisão de Literatura

2.1 *Colletotrichum graminicola* em milho

Colletotrichum graminicola (Ces.) Wils pode infectar qualquer parte da planta, como raiz, sementes e, principalmente, folhas e colmo. Na folha, o patógeno causa lesões necróticas e, nos colmos, lesões estreitas, encharcadas e pardo avermelhadas. O fungo produz acérvulos castanho escuros, com conidióforos curtos, eretos, hialinos, não septados e não ramificados. Produz setas longas, escuras e septadas entre os conidióforos. Os conídios são hialinos, não septados, cilíndricos, falciformes e produzidos nas extremidades dos conidióforos (Shurtleff, 1980).

A temperatura ótima para o desenvolvimento da antracnose em milho é 30°C (Leonard & Thompson 1976), porém há variações em função da variedade utilizada. No mesmo trabalho, os autores mostraram que não há interação entre a posição das folhas infectadas e a idade das plantas em relação a número de lesões por centímetro quadrado, ressaltando que no estágio de florescimento e polinização a susceptibilidade à antracnose foliar diminuiu significativamente. Em contrapartida, Toman & White (1993) mostraram que o colmo do milho está

mais propenso a infecção e colonização pelo patógeno após este estágio fenológico. *C. graminicola* pode sobreviver em restos culturais por dez meses (Naylor & Leonard, 1977), sendo necessárias rotações com culturas não hospedeiras por um ano para seu controle (Lipps, 1983). O patógeno não é eficiente na competição com fungos de solo e sua sobrevivência é maior em colmos de plantas que não foram quebradas e que não tenham entrado em contato com o solo (Lipps 1985). Em regiões frias, pode ser necessária rotação de dois anos para eliminação total do patógeno (Lipps, 1988). Em espigas e sementes, o patógeno pode sobreviver por até 3 anos quando conservado a 4° C (Warren, 1977).

Em várias áreas dos EUA, a antracnose é uma doença de considerável importância (Smith, 1976; Lipps, 1983; Dale, 1963; Shurtleff 1980). Segundo White (1999), esta doença é importante também na França, Índia, Filipinas e países da América do Sul. Cruz et al. (1996) destacaram a ocorrência de podridão de colmo causada por *C. graminicola* em todas as regiões produtoras do Brasil.

O método de controle por resistência genética é o mais adequado para este patógeno. Lim & White (1978) relataram ação gênica aditiva de 90% e Carson & Hooker (1981) ressaltaram a possibilidade da resistência à antracnose foliar ser governada por poucos genes (2 a 4). Carson & Hooker (1982) identificaram genes de resistência à podridão do colmo localizados nos cromossomos 1, 4, 6 e 8 da linhagem americana A556. Ação gênica dominante

da resistência a antracnose foliar foi relatada por Pereira (1978), Carson & Hooker (1981) e Silva et al. (1985), com número de fatores efetivos variando de 1 a 4. Recentemente, Coêlho et al. (2001) descreveram a existência de um gene de resistência dominante a *C. graminicola*.

2.2 Variabilidade de *Colletotrichum graminicola*

A variabilidade de *C. graminicola* tem sido estudada desde a década de 70. Diversos trabalhos caracterizaram isolados e separaram os patógenos que atacavam cana-de-açúcar, sorgo e milho em três diferentes espécies. Minussi et al. (1979) realizaram comparações auxonográficas, patogênicas e morfológicas entre isolados de *C. graminicola* de cana-de-açúcar, milho, sorgo e trigo, mostrando que o patógeno somente causava sintomas nos hospedeiros dos quais foram isolados. Notaram também divergências entre isolados quanto ao crescimento em função do meio de cultura utilizado, variando na velocidade de crescimento, coloração da colônia, formato e tamanho de hifas. Os autores ainda destacaram a diferença significativa entre o comprimento e a largura dos conídios e entre o formato e o tamanho de apressórios, concordando com Messiaen, Lafon e Molot (1974), citado por Minussi et al. (1979), para criação de *formae specialis* (f.sp.) *zeae*, sugerindo ainda a criação das f.sp. *sorghii* e *sacchari*. Jamil & Nicholson (1989) realizaram estudos culturais de isolados de sorgo, milho e *Sorghum bicolor* em sete diferentes meios de cultura e

observaram diferenças entre crescimento radial da colônia, esporulação e efeito da idade da cultura na germinação de esporos. Notaram ainda aumento na esporulação quando em meios contendo sacarose como fonte de carbono e que este aumento foi característico para cada isolado, assim diferenciando-os não somente pela virulência a diferentes culturas, mas também por características morfo-fisiológicas. Sherriff et al. (1995), distinguiram, através da seqüência de rDNA, os gêneros causadores de antracnose em milho e sorgo, este último sendo então caracterizado como *Colletotrichum sublineolum*.

Wheler et al. (1974) estudaram a patogenicidade, especificidade e distribuição de *C. graminicola* testando vinte e seis isolados oriundos de plantas de milho e dos gêneros *Avena*, *Medicago*, *Hordeum*, *Bromus*, *Triticum*, *Calamagrostis*, *Festuca*, *Sorghum* e *Danthonia* em relação ao milho. Observaram que apenas isolados do próprio milho foram patogênicos a ele. Nem mesmo isolados de *C. falcatum*, que são muito próximos a *C. graminicola*, foram patogênicos. Porém, dois isolados do milho infectaram plantas de *Sorghum*. Das sete cultivares de sorgo utilizadas, três foram mais suscetíveis a um isolado do Kentucky do que a um do Kansas, ao passo que plantas de *Sorghum halepense* foram mais suscetíveis ao isolado do Kansas que ao isolado do Kentucky. Quando *Sorghum halepense* foi inoculado com um isolado de sorgo oriundo do Texas, houve a manifestação de lesões diminutas, sem esporulação. Cultivares de sorgo inoculadas com este isolado apresentaram notas de 1 a 4 numa escala de 0 a 5 (onde 0 denota imunidade e 5 morte da

planta). Os autores sugeriram a possibilidade de existência de raças do patógeno em milho, já que seus isolados diferiram dos isolados descritos por Williams (1963) e por Dale (1963), com relação à capacidade de infectar plantas sem ferimentos e plantas de sorgo, afirmação apoiada posteriormente por Forgey (1978). Porém Nicholson & Warren (1981), Jenns et al. (1982) e White et al. (1987), realizaram estudos de virulência e agressividade de *C. Graminicola* em milho e concluíram que existem diferenças na agressividade do patógeno porém não na virulência, o que caracteriza a inexistência de raças.

White et al. (1987) também estudaram a variação na patogenicidade, virulência e agressividade de quatorze isolados de *C. graminicola*, sendo 12 de milho e 2 de sorgo, em três linhagens de milho com graus variáveis de resistência e dois cultivares de sorgo. O isolado foi considerado patogênico se o número de internódios descoloridos e com 75% ou mais de descoloração foi significativamente maior que os valores das testemunhas inoculadas com água. A virulência foi avaliada com base na diferença entre a intensidade de descoloração causada pelos isolados em relação às plantas resistentes, medianamente resistentes e suscetíveis inoculadas com água. Para a determinação da agressividade, foi utilizado o tempo e a incidência de morte de plantas nas parcelas de plantas suscetíveis, pois somente nessas houve diferença significativa entre o número de plantas mortas, de plantas inoculadas com isolados do patógeno e de plantas mortas inoculadas com água. Os autores verificaram que efeitos dos isolados, hospedeiros e interação isolado X

hospedeiro foram significativos para o número de internódios descoloridos, número de internódios com 75% ou mais de internódios descoloridos e porcentagem de plantas mortas em todas as datas. Os isolados puderam ser separados em grupos com base na patogenicidade, virulência e agressividade, porém sem ser suficiente para diferenciação em raças, já que o critério foi baseado na diferença entre descoloração da medula em relação à testemunha inoculada com água. Os autores também concluíram que a virulência de isolados mantidos em meio de cultura pode diminuir, assim como três dos isolados utilizados neste trabalho, que causaram descoloração de internódio em todas as linhagens no ano de 1979, mas não causaram descoloração em 1980.

Em sorgo, já foram identificadas várias raças de *C. graminicola*. O primeiro relato no Brasil, feito por Nakamura (1982), identificou cinco raças do patógeno. Ferreira & Casela (1986) utilizaram doze cultivares de sorgo e sete isolados de *C. graminicola* e identificaram sete raças do patógeno. Casela & Ferreira (1987) propuseram um sistema de classificação de raças de *C. graminicola* através da reação diferencial de 1 cultivar de sorgo aos isolados, gerando 8 grupos e outras 8 cultivares para dividir os grupos em 32 raças. Quatro cultivares receberam valores específicos para representar a reação de suscetibilidade através da fórmula 2^n . Pelo sistema proposto, os autores puderam identificar 16 raças a partir de 24 culturas monospóricas testadas no ano agrícola 1984/85.

Uma alta instabilidade do patógeno foi observada no patossistema sorgo-*Colletotrichum graminicola* por Casela & Frederiksen (1994), que obtiveram 90 culturas e subculturas monospóricas oriundas de duas lesões, uma obtida em Goiás, de uma cultivar que teve sua resistência quebrada, e outra na Geórgia (EUA), isolada de uma cultivar suscetível. A virulência dos isolados foi testada em 5 cultivares, demonstrando variabilidade entre culturas e subculturas. Foram gerados 8 e 3 fenótipos de virulência dos isolados das cultivares suscetível e resistente, respectivamente. Alguns isolados perderam a patogenicidade e houve menor variação da virulência entre isolados obtidos da cultivar resistente do que os obtidos pela cultivar suscetível. Nenhum isolado oriundo da planta suscetível apresentou virulência à planta resistente. Em outro estudo, Casela & Ferreira (1996) analisaram a estrutura da virulência de duas populações de isolados monospóricos de *Colletotrichum graminicola* de sorgo, a fim de comparar as freqüências esperadas e observadas de virulência a todos os pares gerados de uma série diferencial formada por 13 linhagens. Os autores calcularam índices de coeficiente de associação de patogenicidade (CAP) e coeficiente de associação de virulência (CAV) e analisaram a freqüência de haplótipos de virulência em populações do patógeno com finalidade de realizar combinações com alto CAP e baixo CAV para obtenção de resistência durável ao patógeno.

2.3 Ferramentas moleculares no estudo da variabilidade genética de *Colletotrichum graminicola*

Atualmente, técnicas moleculares têm sido utilizadas para agrupamento de espécies e isolados fúngicos. Alahakon et al. (1994) utilizaram técnicas como RFLPs do DNA ribossômico (rDNA) e mitocondrial (mtDNA) e RAPD para agrupar 21 isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* obtidos de sete fruteiras tropicais: abacateiro, durian (*Durio sibethinus* Murr.), goiabeira, mangueira, mangustão (*Garcinia mangosteen* L.), jambeiro e rambutian (*Nephelium lappaceum*). Além do agrupamento foram realizados testes de infecção cruzada entre os isolados e os hospedeiros a fim de relacionar agrupamentos com preferência em relação ao hospedeiro. O autor verificou variação no nível de preferência ao hospedeiro em função do isolado e susceptibilidade do hospedeiro. Isolados de abacateiro, goiabeira, durian e mangueira causaram pouca infecção em hospedeiros alternativos. Dois isolados de abacateiro, três de goiabeira e três de durian não infectaram as folhas das mangueiras, assim como isolados de abacateiro, mangueira e goiabeira causaram pouca ou nenhuma infecção em folhas de durian.

Marcadores moleculares do tipo RAPD também têm sido utilizados para identificar e caracterizar isolados de *Colletotrichum* em diversas culturas, pois possuem a vantagem de serem rápidos, baratos e pouco trabalhosos (Sreenivasaprasad et al., 1992; Sreenivasaprasad et al., 1993; Sicard et al.,

1997). Freeman et al. (1998) utilizaram “primers” aleatórios derivados de minissatelites, conseguindo discriminar espécies de *Colletotrichum* e diferenciar isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* de amendoeira pelo padrão de bandas. Com o auxílio dessa técnica, passou a ser mais fácil e rápida a identificação de espécies e isolados de fungos patogênicos, utilizando-se “primers” com padrões conhecidos.

Correl et al. (1993), por exemplo, examinaram o DNA mitocondrial de 24 isolados de *C. orbiculare*, 3 isolados de *C. magna* e dois isolados da fase teleomórfica de *C. graminicola*, *Glomerella cingulata* var. *orbiculare*, com auxílio de RFLPs, DNA “fingerprint” e RAPDs. Os autores agruparam os isolados em 4 haplótipos, sendo um patogênico a cucurbitáceas e três não patogênicos. Os resultados indicaram pouca diversidade genética entre os isolados, sugerindo que o patógeno responsável pela antracnose em cucurbitáceas se reproduz assexuadamente na natureza e possui baixa variabilidade genética. No entanto, o haplótipo composto pelos três isolados de *C. magna* mostrou polimorfismo, concordando com Jenkins (1961), citado pelos autores, que já havia relatado a reprodução sexuada dessa espécie.

3 Material e Métodos

3.1 Material Vegetal

A ocorrência de raças de patógenos pode ser verificada através do padrão de reação de um determinado grupo de linhagens a diferentes isolados desse patógeno. Procurando encontrar esse tipo de comportamento no patossistema *Colletotrichum graminicola* – milho, foram selecionadas sete linhagens de germoplasma tropical pertencentes ao CIMMYT (Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo) e uma linhagem do programa de melhoramento do departamento de Genética e Melhoramento de Plantas da ESALQ/USP (L 11). Duas linhagens elite do programa de melhoramento da empresa DowAgrosciences também foram utilizadas, pois uma apresenta um monogene que governa a resistência ao patógeno e a outra não (Coêlho et al.,2001) (Tabela 1).

As linhagens do CIMMYT e do Depto. de Genética foram cultivadas e auto-fecundadas em dois ciclos, sendo um com plantio em 15 de fevereiro e outro em 15 de julho de 1999, para obtenção de um maior número de sementes. O segundo ciclo foi necessário devido à pequena quantidade de sementes geradas no primeiro, já que as sementes de algumas linhagens

estavam armazenadas desde 1992, apresentando por esta razão pouca viabilidade e vigor. As sementes foram tratadas com 0,16 g de captan para cada 100 g de sementes. A adubação de plantio foi de 20 g de nitrogênio, 60 g de fósforo e 50 g de potássio por metro linear. A adubação de cobertura foi realizada quando as plantas apresentavam quatro folhas completamente desenroladas, aplicando-se 100 g de nitrogênio e 60 g de potássio por metro linear. O controle de lagartas foi realizado através de aplicações quinzenais com o equivalente a 1,5 L/ha para 100 L de calda de Vexter (Cloropirifós, Dow Agrosiences). Doenças foliares foram controladas com pulverizações de 60 g/ha para 100 L de calda de Azoxystrobin (Amistar®, Syngenta), para garantir uma boa produção de sementes. Após a colheita, as sementes foram secas e então expurgadas em um tambor adicionando-se uma pastilha de Fosfeto de Mg (Fosfina, Fersol Ind. e Com.) e mantendo-o hermeticamente fechado por dois dias. O segundo ciclo gerou uma boa quantidade de sementes, permitindo a instalação dos experimentos descritos a seguir.

Tabela 1. Características das linhagens de milho utilizadas nos ensaios.

CÓDIGO	ORIGEM	PEDIGREE	FM ^a	FF ^b	ALPTA ^c	ALES. ^d	COR	TEXTURA	ORIGEM
			DIAS	DIAS	CM.	CM.	GRÃO		
1	CML2	PR97B5403-2	68	67	154	83	Branco	Dentado	Tuxpeño-1
2	CML16	PR97B5403-16	69	70	164	95	Branco	Cristalino	Mezcla tropical Blanca
3	CML40	PR97B5403-40	63	65	188	104	Amarelo	Semidentado	Amarillo Cogollero
4	CML270	PR97B5401-24	59	59,3	185	83	Branco	Semidentado	Tuxpeño Caribe
5	Z64	-	-	-	-	-	Laranja	Semidentado	Amarillo dentado Caribe
6	Z186	-	-	-	-	-	Alaranjado	Semidentado	Amarillo dentado Caribe
7	CML281	PR97B5401-35	64	65,3	177	92	Branco	Dentado	La Posta
8	CML296	PR97B5402-15	60	60,3	197	93	Amarelo	Cristalino	Sintético Res. Manchas fol.
9	CML306	PR97B5402-25	61,3	62	183	72	Amarelo	Semidentado	Sintético Res. Manchas fol.
10	ESALQ1	-	-	-	-	-	Amarelo	Semidentado	Mescla Tropical

^a Florescimento masculino

^b Florescimento feminino

^c Altura planta

^d Altura espiga

3.2 Isolamento de *Colletotrichum graminicola*

Colmos de milho apresentando sintomas de antracnose oriundos de regiões produtoras de Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso, São Paulo, Paraná e Santa Catarina (Tabela 2) e uma colônia de *C. graminicola* isolado de sorgo, foram gentilmente cedidos pelos pesquisadores Herberte Pereira da Silva e Roberto Carvalho (DowAgrosciences), Ivan Rezende (Monsanto do Brasil S.A.) e Élcio Alves (Pioneer Sementes). Pedacos de colmo foram desinfetados superficialmente em álcool 70% durante 15 segundos, em solução de hipoclorito 15% por mais 15 segundos e então lavados em água destilada com posterior plaqueamento em meio de farinha de aveia-ágar (FAA) (14 g de ágar, 16 g de dextrose e 20 g de aveia fina em um litro de água). As placas foram mantidas em câmara de crescimento com temperatura próxima a 22° C e luz ultra-violeta incidente por 12 horas/dia. Após cinco dias, discos das culturas foram repicados para obtenção de culturas puras de *Colletotrichum graminicola*, confirmadas através da morfologia das colônias e conídios (White, 1999). As colônias foram repicadas a cada dois meses para a manutenção dos isolados.

Tabela 2. Código e origem dos isolados de *C. graminicola*.

Código	Cidade	Estado
CTLGO	Cristalina	GO
MVDGO	Montividiu	GO
RVDGO	Rio Verde	GO
BJEGO	Bom Jesus	GO
ITBGO	Itumbiara	GO
SHGGO	Santa Helena de Goiás	GO
ALFMG	Alfenas	MG
UBDMG	Uberlândia	MG
NPOMG	Nova Ponte	MG
CDRMG	Cachoeira Dourada	MG
MCMMG	Monte Carmelo	MG
SLGMG	Sete Lagoas	MG
IMGMG	Iraí de Minas	MG
SGOMS	São Gabriel d'Oeste	MS
CORMS	Costa Rica	MS
GPVPR	Guarapuava	PR
PBRPR	Pato Branco	PR
PGRPR	Ponta Grossa	PR
CASPR	Cascavel	PR
FIGPR	Foz do Iguaçu	PR
XANSC	Xanxerê	SC
MAGSP	Morro Agudo	SP
PNPSP	Paranapanema	SP
GUASP	Guaíra	SP
CBRSP	Casa Branca	SP
BALMA	Balsas	MA
CRVSG	Cravinhos (Sorgo)	SP

3.3 Estimativa de divergência genética entre isolados de *C. graminicola*

3.3.1 Extração de DNA

Discos de meio de cultura sólido colonizados pelo fungo foram transferidos para meio líquido de batata e dextrose (200 g de batata e 16 g de dextrose/L de água) e incubados sob agitação contínua durante 7 dias a 26° C. Posteriormente, o meio foi recolhido com auxílio de papel de filtro e bomba de vácuo e lavado por três vezes com água destilada para retirada do excesso de meio de cultura. O micélio foi então liofilizado em liofilizador Heto modelo FD 3 durante 24 horas e então armazenado em ultrafreezer a -80° C.

Aproximadamente 50 mg de micélio liofilizado foram macerados em tubos eppendorff de 1,5 mL com auxílio de bastão de plástico. Foram adicionados a cada tubo 700 µl de solução tampão de extração (10 mM de Tris-HCl pH 8,0; 100 mM de EDTA e 0,5 % de SDS) pré-aquecido a 60 °C e esses tubos foram incubados durante trinta minutos a 65 °C. Realizaram-se então três tratamentos com fenol:clorofórmio:álcool isoamílico 25:24:1 e posterior incubação a 37° C durante duas horas na presença de 1µg de RNase. A precipitação do DNA foi feita com 70µl de acetato de sódio 3M e 800µl de etanol absoluto. O DNA foi ressuspensionado em 200 µl de TE (100 mM Tris-HCl, pH 8,0; 10mM EDTA pH 8,0), quantificado em espectrofotômetro (adaptado de Reader & Broda, 1985) e diluído a uma concentração final de 2,5 ng DNA/µl.

3.3.2 Amplificação de fragmentos RAPD

Doze decanucleotídeos dos kits OPAA e OPAB (Operon Technologies) AA e AB (OPAA1, OPAA2, OPAA3, OPAA5, OPAA7, OPAA8, OPAA9, OPAA12, OPAA17, OPAB1, OPAB5 e OPAB17) foram usados para a amplificação de fragmentos do DNA de *C. graminicola*, utilizando o Kit Ready To Go Analysis Beads (Amersham Pharmacia Biotech). Cada reação foi composta por 0,4 mM de cada dNTP, 2,5 µg de BSA (soro de albumina bovina), 3mM MgCl₂, 30 mM KCL, 10 mM Tris pH 8,3, AmpliTaq™ e fragmento de Stoffel, todos os componentes concentrados em esferas de cera termoestáveis e hidrofílicas. As reações foram realizadas adicionando 5 µl de DNA 2,5 ng/µl, 50 pmoles de “primer” e 19,5 µl de água Milli Q autoclavada por tubo e submetidas a amplificação em termociclador PTC – 100 (MJ Research). O controle negativo constituiu-se de uma reação com adição de 5 µL de água Milli Q ao invés de DNA. O programa de amplificação foi de um ciclo a 95° C por 5 min., seguido de 45 ciclos a 95° C por 1 min., 36° C por 1 min., 72° C por 2 min. e um ciclo para alongação final a 72° C por 5 min. (adaptado de Williams et al., 1990).

Os produtos das amplificações foram resolvidos em gel de agarose a 1,5 %. Utilizou-se padrão de peso molecular 100 pb (Promega) para análise dos fragmentos. Os géis foram corados com brometo de etídio e documentados em processador de imagens Imager Master VDS (Amersham-Pharmacia Biotech.).

3.3.3 Construção de Dendrograma

Os fragmentos RAPD gerados pela amplificação por PCR foram codificados, onde sua presença em determinado isolado recebeu código 1 e ausência 0. Em casos em que determinada amostra não foi amplificada por algum problema, a ausência de fragmentos recebeu o código 9. Os dados foram utilizados para calcular os níveis de similaridade genética entre todos os isolados, tomados dois a dois, através do coeficiente de Jaccard:

$$J(x,y) = a/(n-d)$$

onde \underline{x} e \underline{y} representam isolados, \underline{a} representa o número de fragmentos em comum entre eles, \underline{n} o número total de fragmentos avaliados e \underline{d} o número de fragmentos ausentes nos dois isolados. Esses valores foram utilizados para a obtenção de uma matriz de distâncias que, por sua vez, foi submetida à análise de "cluster" pelo método não ponderado de agrupamento de pares utilizando a média aritmética (UPGMA) de Sokal & Michener (1958), cujo resultado pode ser visualizado na forma gráfica de um dendrograma. A partir desse dendrograma, foi calculada uma nova matriz de similaridades, a qual foi comparada com a primeira para avaliar a relação co-fenética entre elas. Esta relação demonstra a fidelidade entre o dendrograma e a matriz de similaridades. Todos os cálculos de similaridades, construção do dendrograma e cálculo da relação co-fenética foram efetuados com o auxílio do programa NTSYS (State University of New York; EUA).

3.4 Ensaios de campo

3.4.1 Estudo da interação patógeno X hospedeiro X ambiente para podridão do colmo

Após o agrupamento dos isolados em “clusters” foram selecionados cinco isolados pertencentes a diferentes agrupamentos genéticos para os testes de agressividade. Essa seleção, realizada a fim de reduzir o tamanho dos ensaios de campo e de casa de vegetação, foi baseada na possibilidade de isolados menos similares entre si possuírem maior chance de serem diferentes quanto à agressividade e/ou virulência.

Visando estudar a interação patógeno X hospedeiro X ambiente, foram instalados dois experimentos, um no campo experimental da DowAgrosciences em Rio Verde (GO), no dia 8 de novembro de 1999, e outro numa fazenda particular em Iraí de Minas (MG), no dia 9 de novembro de 1999. Esses ensaios utilizaram os isolados selecionados e duas linhagens: Z64, resistente a *C. graminicola*, e Z86, suscetível ao patógeno (vide item 3.1). O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, com três repetições, onde a parcela foi composta por uma linha de 4 metros com 5 plantas por metro. Cada repetição foi composta por 5 linhas de cada linhagem, as quais foram inoculadas cada uma com um isolado do patógeno.

A inoculação foi realizada injetando-se 1 ml de suspensão conidial calibrada a 2×10^5 conídios/ml no colmo, utilizando uma seringa de vacinação

bovina, após o florescimento das plantas (Toman & White, 1993), nos dias 11 e 12 de janeiro de 2000 em Rio Verde e Iraí de Minas, respectivamente. As avaliações foram realizadas 35 dias após a inoculação, cortando-se o colmo e registrando o comprimento total das lesões medido com auxílio de uma régua. Os dados foram submetidos à análise no programa SAS v. 6.11 após a transformação pela fórmula $\log x + 1$.

3.4.2 Estudo da variabilidade patogênica de *C. graminicola* através da reação de linhagens à inoculação no colmo

Com objetivo de verificar a possível ocorrência de raças de *C. graminicola* e tentar selecionar um grupo de linhagens diferenciais que possibilitem essa identificação, foi instalado no campo experimental da DowAgrosciences em Cravinhos (SP), no dia 27 de dezembro de 1999, um ensaio em blocos ao acaso com parcelas subdivididas em esquema fatorial, com 3 repetições. Foram utilizadas as 10 linhagens descritas no item 3.1 e os mesmos isolados utilizados no ensaio anterior (item 3.4.1). As parcelas foram divididas em dez subparcelas, sendo estas compostas de uma linha de plantio de cada linhagem, onde cada linha tinha 4 metros de comprimento, com cinco plantas por metro. Cada parcela foi inoculada com um isolado do patógeno no dia 14 março de 2000, utilizando o mesmo procedimento descrito no ensaio anterior. Após 35 dias da inoculação, procedeu-se a avaliação do ensaio,

cortando-se as plantas ao meio para que fosse possível medir o comprimento e a largura das lesões causadas pelo patógeno no colmo a partir do ponto de inoculação.

A partir dos dados de comprimento e largura de lesão calculou-se a área da lesão por colmo e as médias de área lesionada para cada subparcela. A análise dos dados foi realizada conforme descrito anteriormente.

3.4.3 Estudo da variabilidade patogênica de *C. graminicola* através da reação de linhagens à inoculação nas folhas

Para o estudo de variabilidade patogênica de *Colletotrichum graminicola* em relação à antracnose foliar foi instalado um experimento na casa de vegetação do Departamento de Entomologia, Fitopatologia e Zoologia da ESALQ/USP em 29 de fevereiro de 2000, sendo utilizado o mesmo delineamento experimental do ensaio instalado no campo experimental da empresa DowAgrosciences em Cravinhos (SP). Também foram utilizadas as mesmas linhagens e isolados utilizados no ensaio de podridão do colmo, com exceção das linhagens pertencentes ao programa de melhoramento da empresa Dow Agrosciences (Z64 e Z86). Em cada parcela, foi inoculado um isolado. Cada parcela continha 8 subparcelas representadas por 8 linhagens, as quais foram semeadas separadamente em sacos plásticos, com 3 plantas por saco. As plantas foram inoculadas 30 dias após o plantio por pulverização da

suspensão conidial calibrada a 2×10^5 conídios/ml nas folhas, de acordo com Coêlho (1998), fora da casa de vegetação, em local isolado para evitar contaminações entre as parcelas. Após a inoculação, os vasos foram levados para a casa de vegetação mantendo-se a umidade relativa do ar elevada. O experimento foi avaliado 15 dias após a inoculação, quando foram coletadas as terceiras folhas verdadeiras das plantas e foram medidos os tamanhos e larguras das lesões com auxílio de uma régua e um microscópio estereoscópio. A partir dos dados anotados foi calculada a área total lesionada de cada folha. Em seguida, obteve-se a estimativa da média da área de lesão por subparcela. Esses dados foram então analisados com auxílio do programa SAS v. 6.11.

4 Resultados e Discussão

4.1 Isolamento de C. graminicola

Durante a obtenção de isolados pôde-se notar diferenças entre eles com relação a velocidade de crescimento e período de incubação, onde alguns isolados colonizaram a placa e esporularam mais rapidamente. Alguns, como o de Nova Ponte e Guaíra, iniciaram a esporulação mesmo antes de colonizarem totalmente a placa, apenas após 5 dias da inoculação do meio, enquanto isolados como o de Cravinhos ou Foz do Iguaçu demoraram cerca de 12 dias para esporulação. Diferenças entre isolados de *C. graminicola* com relação ao período latente já foram observadas por Coêlho et al. (2001).

4.2 Estimativa de divergência genética entre isolados de C. graminicola

A Figura 1 mostra o padrão de amplificação do DNA dos isolados do patógeno com um "primer" RAPD resolvido em gel de agarose 1,5%. Foram obtidos 150 fragmentos utilizando 12 "primers". O número de fragmentos amplificados por "primer" variou de 7 a 19. O dendrograma obtido pode ser

visualizado na Figura 2. A relação co-fenética entre as matrizes foi de 82,66%, valor considerado bom, uma vez que coeficientes acima de 65% são satisfatórios (Alexandre Coelho, comunicação pessoal). A Figura 3 mostra a relação entre a matriz de similaridade e a matriz gerada pelo programa.

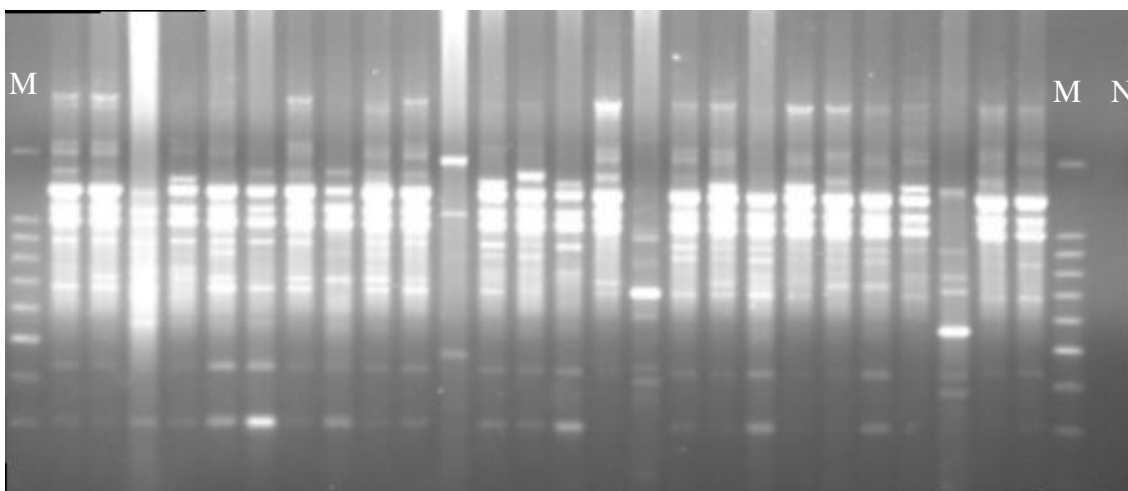


Figura 1 - Amplificação de DNA de *C. graminicola* utilizando kit Ready to GO Analysys Beads (Amersham Pharmacia Biotech) e primer OPAB14 (Operon). M- marcador molecular 100bp (Promega), N- controle negativo

Os coeficientes de similaridades entre isolados variaram de 44.9 (*C. Graminicola* isolado de sorgo *versus* isolado de Guarapuava) a 90 % (isolados de Guarapuava e Ponta Grossa) (Tabela 3). Pode-se notar que não há uma relação entre similaridade genética e distribuição geográfica. Alguns isolados de regiões próximas de fato apresentaram elevada similaridade, como o de Montividiu e de Santa Helena de Goiás e o de Bom Jesus e de Itumbiara, com cerca de 75% de semelhança. Em alguns casos, no entanto, isso não foi

observado. O isolado de Guarapuava (PR), por exemplo, apresentou maior semelhança ao de Paranapanema (SP, 81,9%) quando comparado ao isolado de Foz do Iguaçu (PR, 62,5%). Já outros isolados do Paraná (Cascavel e Ponta Grossa) permaneceram no mesmo "cluster" que o de Guarapuava (78,8 e 90% respectivamente), mostrando que as regiões produtoras de milho no Brasil apresentam um mosaico de genótipos do patógeno.

Tabela 3. Matriz de similaridade genética entre isolados de *C. Graminicola*

	CTL	RVD	MVD	BJE	ITB	SHG	ALF	UBL	NPO	CDR	MCA	SLA	SGO	COR	GPV	PBR	PGR	CAS	XAN	MAG	PRP	GUASP	CBR	CRVSG	BAL	FIG	
CTLGO	1.000																										
RVDGO	0.847	1.000																									
MVDGO	0.780	0.747	1.000																								
BJEGO	0.680	0.713	0.727	1.000																							
ITBGO	0.667	0.730	0.660	0.766	1.000																						
SHGGO	0.759	0.780	0.823	0.730	0.681	1.000																					
ALFMG	0.756	0.840	0.731	0.773	0.745	0.773	1.000																				
UBLMG	0.628	0.642	0.664	0.679	0.703	0.742	0.632	1.000																			
NPOMG	0.780	0.800	0.707	0.753	0.709	0.745	0.790	0.708	1.000																		
CDRMG	0.718	0.738	0.685	0.745	0.729	0.771	0.763	0.669	0.779	1.000																	
MCAMG	0.596	0.651	0.651	0.679	0.615	0.697	0.629	0.729	0.651	0.704	1.000																
SLAMG	0.707	0.713	0.700	0.747	0.745	0.681	0.765	0.628	0.713	0.732	0.606	1.000															
SGOMS	0.742	0.767	0.717	0.742	0.730	0.730	0.743	0.757	0.733	0.748	0.595	0.775	1.000														
CORMS	0.603	0.652	0.681	0.745	0.738	0.631	0.664	0.602	0.688	0.729	0.615	0.794	0.721	1.000													
GPVPR	0.779	0.772	0.718	0.711	0.714	0.786	0.746	0.669	0.772	0.765	0.648	0.658	0.731	0.629	1.000												
PBRPR	0.650	0.650	0.723	0.650	0.617	0.703	0.575	0.750	0.664	0.625	0.633	0.599	0.664	0.633	0.765	1.000											
PGRPR	0.801	0.837	0.766	0.730	0.723	0.801	0.736	0.695	0.745	0.757	0.661	0.709	0.802	0.660	0.900	0.758	1.000										
CASPR	0.688	0.746	0.710	0.681	0.698	0.752	0.714	0.648	0.725	0.759	0.701	0.746	0.742	0.674	0.788	0.664	0.837	1.000									
XANSC	0.660	0.667	0.640	0.660	0.631	0.652	0.639	0.642	0.707	0.671	0.587	0.740	0.675	0.695	0.638	0.650	0.681	0.739	1.000								
MAGSP	0.703	0.746	0.696	0.681	0.682	0.690	0.756	0.632	0.725	0.701	0.629	0.688	0.725	0.628	0.759	0.616	0.791	0.725	0.696	1.000							
PRPSP	0.760	0.780	0.767	0.693	0.645	0.752	0.739	0.672	0.767	0.732	0.651	0.707	0.767	0.667	0.819	0.723	0.837	0.826	0.700	0.739	1.000						
GUASP	0.652	0.660	0.688	0.652	0.688	0.709	0.655	0.664	0.681	0.750	0.633	0.688	0.721	0.681	0.736	0.641	0.709	0.752	0.674	0.659	0.716	1.000					
CBRSP	0.667	0.634	0.577	0.675	0.649	0.684	0.731	0.609	0.699	0.746	0.683	0.659	0.708	0.649	0.713	0.600	0.702	0.740	0.659	0.724	0.699	0.675	1.000				
CRVSGSP	0.500	0.516	0.508	0.555	0.563	0.477	0.495	0.563	0.516	0.567	0.552	0.555	0.571	0.602	0.449	0.496	0.477	0.474	0.531	0.526	0.523	0.508	0.515	1.000			
BALMA	0.761	0.690	0.699	0.655	0.635	0.673	0.720	0.566	0.743	0.705	0.542	0.664	0.699	0.596	0.804	0.670	0.760	0.693	0.655	0.752	0.743	0.673	0.698	0.337	1.000		
FIGPR	0.602	0.637	0.611	0.708	0.654	0.615	0.756	0.584	0.673	0.723	0.625	0.681	0.711	0.654	0.625	0.490	0.644	0.762	0.655	0.703	0.637	0.654	0.779	0.413	0.628	1.000	

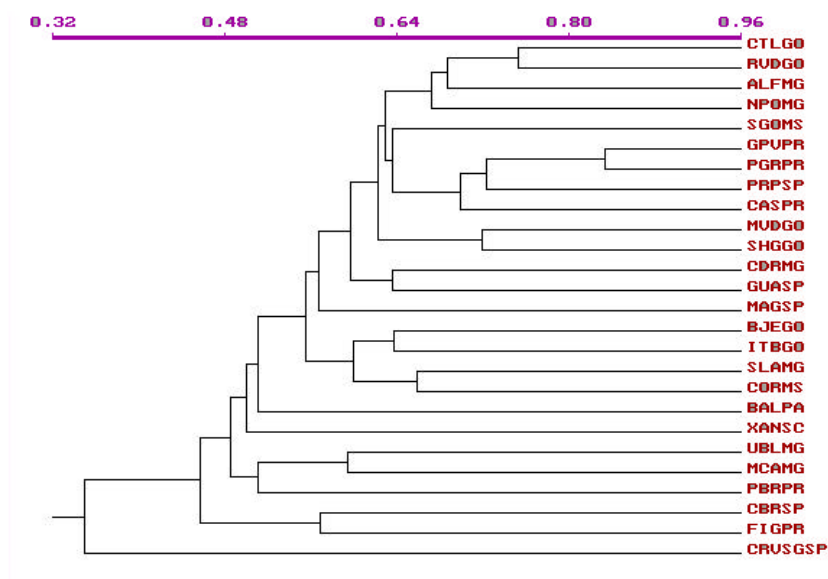


Figura 2 - Dendrograma de similaridade genética entre isolados de *C. graminicola*.



Figura 3 - Gráfico da relação co-fenética entre a matriz de similaridade e a matriz gerada pelo dendrograma.

Os isolados de São Paulo e Minas Gerais apresentaram maior variabilidade genética, formando agrupamentos com menos de 70% de similaridade. O isolado de sorgo apresentou similaridades entre 30 e 43% com os isolados de milho, semelhante ao resultado obtido por Browning et al. (1999), que trabalhou com isolados de *C. graminicola* patógenos de gramíneas, sorgo e milho, e verificou uma média de 57% de similaridade entre eles. Segundo os autores, é possível que as diferenças sejam devidas a existência de raças fisiológicas, porém esta conclusão foi disputada posteriormente por Nicholson & Warren (1981), Jenks et al. (1982) e White et al. (1987), que concluíram que não é evidente a existência de raças, pois as diferenças entre isolados são devidas a variação em agressividade e não em virulência.

A diversidade genética e patogênica entre e dentro de espécies de *Colletotrichum* tem sido estudada. Alahakoon et al. (1994) utilizou técnicas como RFLPs do DNA ribossômico (rDNA), mitocondrial (mtDNA) e RAPD para o agrupamento genético de 21 isolados de *Colletotrichum gloeosporioides* obtidos de sete fruteiras tropicais. Verificou-se variação em nível de preferência pelo hospedeiro em função do isolado e susceptibilidade do hospedeiro. As análises moleculares mostraram que alguns isolados apresentaram o mesmo padrão de restrição de rDNA e um baixo grau de polimorfismo quanto ao mtDNA quando digeridos com enzimas de restrição *EcoR* I e *Cla* I. Marcadores RAPD mostraram variação similar entre os 21 isolados. Os dados de todos os marcadores geraram um dendrograma através do método de comparações

pareadas que mostra variações compreendidas entre 55 e 95% de similaridade entre isolados diferentes da mesma fruteira, mostrando padrão semelhante com o padrão obtido no ensaio realizado utilizando-se isolados de milho.

Browning et al. (1999) utilizaram marcadores do tipo RAPD para estudar a variabilidade genética de *C. graminicola* isolado de Poaceas de várias regiões (*Agrostis palustris*, *Poa annua*, *Zea mays* e *Sorghum bicolor*). Isolados de sorgo e milho apresentaram 60% de similaridade entre eles e 57% de similaridade com isolados das espécies *Agrostis palustris* e *Poa annua*, semelhante aos resultados obtidos por Alahakoon et al. (1994) e os obtidos neste ensaio, onde os valores variaram entre 44,9 a 60,2% de semelhança, com média de 50,5% de semelhança entre o isolado de sorgo e os isolados de milho.

4.3 Estudo da interação patógeno X hospedeiro X ambiente

Houve diferença significativa entre a reação das linhagens frente a *C. graminicola* em ambos os locais (Tabelas 4 e 5), sendo Z64 resistente e Z86 suscetível. As áreas médias de lesões variaram, em função do isolado utilizado, de 4.1 a 7.7 cm² na linhagem Z64 e de 12.5 e 19.3 cm² na linhagem Z86 no experimento de Iraí de Minas. A média geral foi 5.6 e 15.8, respectivamente para Z64 e Z86.

No experimento de Rio Verde, as médias ficaram entre 0.8 e 12.4 cm² em relação à linhagem Z64 e 19.7 e 33 cm² em relação a linha Z86, com médias gerais de 7.9 e 26.7 cm², respectivamente. Houve também interação significativa entre linhagens e locais (Tabela 6), sendo Rio Verde o local onde ambas linhagens apresentaram maior suscetibilidade, provavelmente devido à menor altitude e maior temperatura média diária e noturna quando comparada com Iraí de Minas, fatores que favorecem uma colonização mais rápida do patógeno WHITE (2001). A figura 4 mostra a reação das linhagens frente aos isolados de *Colletotrichum graminicola* no experimento realizado em Iraí de Minas. Pode-se notar que a linhagem Z64 apresenta resistência a todos os isolados do patógeno, mesmo ao isolado de Foz do Iguaçu, uma vez que a área do colmo lesionada por este isolado não difere significativamente da área lesionada pelos demais. Também a reação da linhagem Z86 apresentou o

mesmo comportamento: as diferenças observadas entre os isolados não são significativas.

Os isolados se comportaram de forma semelhante em Iraí, porém houve diferença significativa em agressividade no experimento realizado em Rio Verde (Tabelas 4 e 5), sendo o isolado de Nova Ponte o menos agressivo, diferenciando-se dos demais. As médias ficaram entre 8.9 e 11.8 cm² em Iraí de Minas e entre 14 e 22.7 cm² em Rio Verde. Houve interação significativa entre isolado X linhagem em ambos os experimentos, porém, em Iraí de Minas a significância foi de 5,8%, de modo que o desdobramento estatístico não detectou qual combinação linhagem X isolado apresentou interação. No experimento realizado em Rio Verde, a interação significativa entre linhagem X isolado (Tabela 5) foi devida ao isolado de Nova Ponte (NPO), o qual demonstrou menor agressividade (Tabela 7). A figura 5 ilustra a reação das linhagens frente aos isolados no experimento conduzido em Rio Verde. Nota-se que o isolado de Nova Ponte (NPO) foi menos agressivo frente a linhagem Z64 quando comparado ao ensaio de Iraí de Minas, mas apresentou a mesma agressividade frente a linhagem Z86.

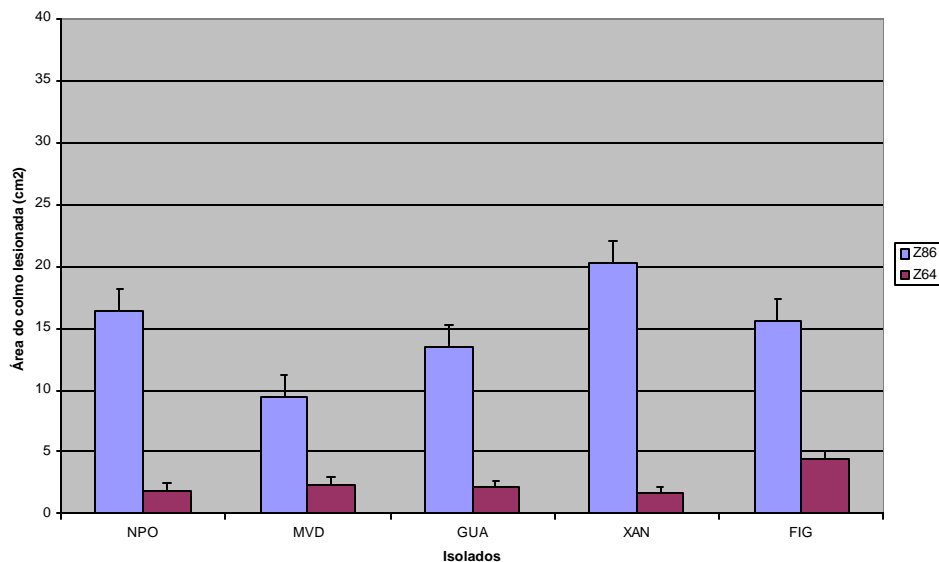


Figura 4 - Reação das linhagens Z64 e Z86 frente a isolados de *Colletotrichum graminicola* no experimento realizado em Iraí de Minas

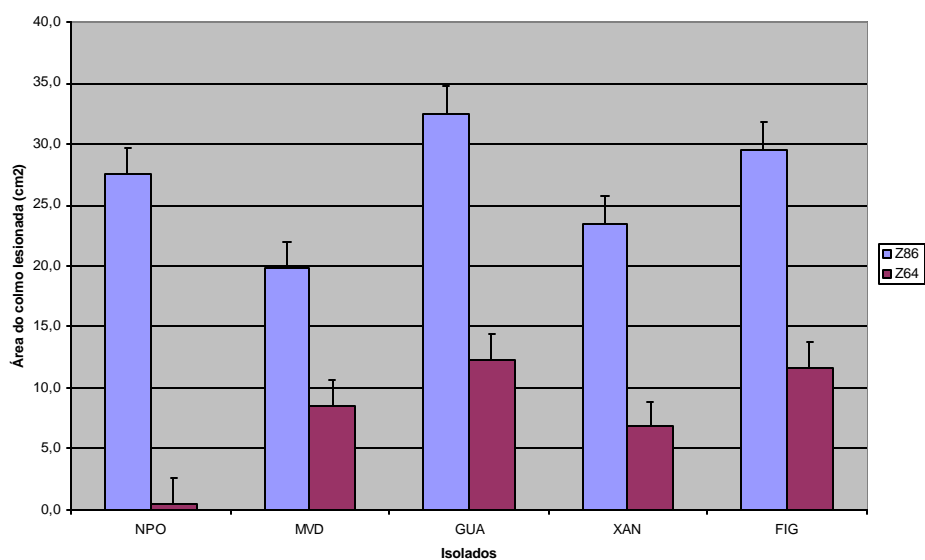


Figura 5 - Reação das linhagens Z64 e Z86 frente aos isolados de *Colletotrichum graminicola* no experimento realizado em Rio Verde.

Tabela 4. Quadro da análise da variância do experimento realizado em Iraí de Minas

FV	GL	QM	Pr > F
Isolado (I)	4	0,039	0,251
Linhagem (L)	1	1,023	0,0001
I x L	4	0,016	0,024
Resíduo (b)	20	0,004	
Total	29		

CV=10,01%

Média= 10,7 cm²

Tabela 5. Quadro da análise da variância do experimento realizado em Rio Verde

FV	GL	QM	Pr > F
Isolado (I)	4	0,378	0,0583
Linhagem (L)	1	1,614	0,0001
I x L	4	0,465	0,0001
Resíduo (b)	16	1,256	
Total	24		

CV=11,85%

Média = 17.3 cm²

Tabela 6. Quadro da análise conjunta da variância dos experimentos realizados em Rio Verde e Iraí de Minas

FV	GL	QM	Pr > F
Isolado (I)	4	0,086	0,0002
Linhagem (L)	1	0,162	0,0001
Local (J)	1	2,406	0,0001
I x L	4	0,064	0,0003
J x L	1	0,090	0,0006
I x J	4	0,079	0,0001
I x J x L	4	0,064	0,0001
Resíduo (b)	31	0,006	
Total	54		

CV=6,85%

Média = 14.0 cm²

Tabela 7. Comparação entre as médias da área lesionada no ensaio realizado em Rio Verde de acordo com o critério de desmembramento Tukey-Kramer, em relação à linhagem resistente Z64.

Isolado	Área média da lesão (cm ²)
GUA	12,4 a
FIG	11,2 a
MVD	8,6 a
XAN	6,8 a
NPO	0,8 b

O quadro da análise da variância conjunta realizada entre os dois experimentos pode ser visualizado na Tabela 5. Houve diferença significativa entre agressividade dos isolados e entre linhagens. Todas as interações foram significativas: isolados X locais, linhagens X locais, isolados X linhagens e isolados X linhagens X locais.

Analisando os resultados obtidos por este experimento, podemos notar que o ambiente, genótipo do patógeno e o genótipo do hospedeiro são importantes na caracterização da agressividade de *Colletotrichum graminicola*, já que há resposta em relação ao ambiente pelo patógeno e pelo hospedeiro. Desse modo, o conhecimento das características edafo-climáticas é de grande importância para o direcionamento de híbridos e variedades a serem comercializados.

4.4 Estudo da variabilidade patogênica de *C. graminicola* através da reação das linhagens à inoculação no colmo

No experimento realizado em Cravinhos, não verificou-se diferença significativa entre os cinco isolados avaliados em relação à agressividade (Tabela 8). Apesar dos isolados de Guaíra e Nova Ponte aparentarem maior área do colmo lesionada, as diferenças comparadas aos demais isolados não foram significativas (Figura 6).

Tabela 8. Quadro da análise da variância do experimento realizado em Cravinhos

FV	GL	QM	Pr > F
Isolado (I)	4	0.403	0.109
Resíduo (a)	10	0.161	
Linhagem (L)	9	0.884	0.0001
I x L	36	0.075	0.0123
Resíduo (b)	88	0.041	
Total	147		

CV=22,27

Média = 10.35 cm²

As linhagens também apresentaram comportamentos diferentes quanto à resistência aos diferentes isolados de *C. graminicola*, sendo a linhagem 2 a mais suscetível, diferindo das demais, e as linhagens 1, 4, 7, 9 e Z64 as mais resistentes (Tabela 9).

Tabela 9. Teste de Tukey para área média lesionada do colmo (cm²) em relação as 10 linhagens utilizadas.

Linhagem	Área média lesionada (cm ²)
2	27,94 A
11	13,37 B
86	12,62 B
8	12,10 B C
3	10,48 B C
9	6,77 B C D
1	5,40 C D
7	5,20 C D
64	3,46 D
4	3,04 D

Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente pelo teste Tukey a 0,01%.

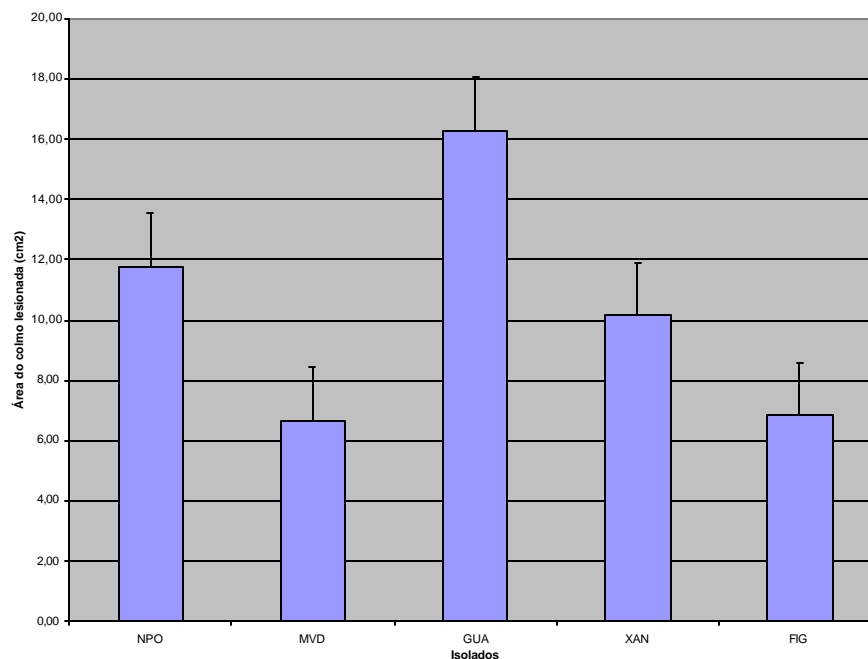


Figura 6 - Agressividade de isolados de *Colletotrichum graminicola* em 10 linhagens de milho, avaliada pela área lesionada do colmo (cm²).

Houve interação significativa entre isolados e linhagens. Podemos observar no figura 7, tomando-se as linhagens 2 e 4 e os isolados de Xanxerê e Guaíra, que frente à linhagem 2 os isolados não diferem quanto à agressividade, porém frente à linhagem 4 o isolado de Xanxerê é mais agressivo que o isolado de Guaíra. Podemos visualizar outra interação significativa tomando-se os isolados de Montividiu e Guaíra frente às linhagens 9, onde não diferem na agressividade e 11, onde o isolado de Montividiu mantém a mesma agressividade e o de Guaíra mostra-se mais agressivo.

O maior modelo no estudo da evolução da resistência de plantas contra parasitas é a teoria gene-a-gene de Flor, a qual postulava: “para cada gene determinando resistência no hospedeiro há um gene correspondente para virulência no parasita com o qual este gene do hospedeiro interage especificamente” (Thompson & Burdon, 1992), o que se aplica no caso de resistência monogênica, onde devem ocorrer interações diferenciais. Estas interações diferenciais são caracterizadas quando, por exemplo, uma linhagem “L1” é resistente a um isolado “A” do patógeno e suscetível a outro “B”, enquanto a outra linhagem “L2” apresenta comportamento contrário, sendo suscetível ao isolado “A” e resistente ao isolado “B”. As interações obtidas nesse ensaio, no entanto, não foram diferenciais.

O gênero *Colleotrichum* pode apresentar grande variabilidade. No patossistema sorgo X *Colletotrichum sublineolum* já foram identificadas várias raças do patógeno. O primeiro relato no Brasil, feito por Nakamura (1982),

identificou cinco raças do patógeno. Casela & Ferreira (1987) propuseram um sistema de classificação de raças de *C. graminicola* através da reação diferencial de 1 cultivar de sorgo aos isolados, gerando 8 grupos do patógeno, de acordo com sua agressividade. Outras 8 cultivares foram usadas para dividir os grupos em 32 raças. Pelo sistema proposto, os autores puderam identificar 16 raças a partir de 24 culturas monospóricas testadas no ano agrícola 1984/85.

No patossistema *Colletotrichum graminicola* x milho causando podridão de colmo, a genética da resistência já foi amplamente estudada. A existência de resistência monogênica foi relatada por Badu-Apraku et al. (1987a), Toman & White (1993), e recentemente por Coêlho et al. (2001). Resistência poligênica, ou quantitativa, foi relatada por Carson & Hooker (1981), que estudaram a resistência em progênies em cinco cruzamentos envolvendo quatro linhagens resistentes e duas suscetíveis, onde as análises das médias das gerações indicaram a existência de efeito genético aditivo de mais de 90%. Continuando este trabalho, Carson & Hooker (1982) localizaram genes de resistência na linhagem americana A556 nos braços longos dos cromossomos 1, 4, 8 e em ambos os braços do cromossomo 6, utilizando cruzamentos teste de translocação recíproca. Outros autores como Lim & White (1978) e Weldekidan & Hawk (1993) também mostraram a ocorrência de resistência quantitativa nesse patossistema. No experimento realizado, podemos observar diferentes graus de suscetibilidade ao patógeno, onde o tamanho das lesões variou entre 1

a 40 cm² (Figura 7). Lesões pequenas, nesse caso, podem ser causadas por microrganismos saprófitos, aproveitando-se do ferimento ocasionado pela inoculação. Seria interessante a repetição desse ensaio utilizando inoculação com água nas linhagens como testemunha, a fim de retirar o efeito causado por saprófitos no orifício de inoculação.

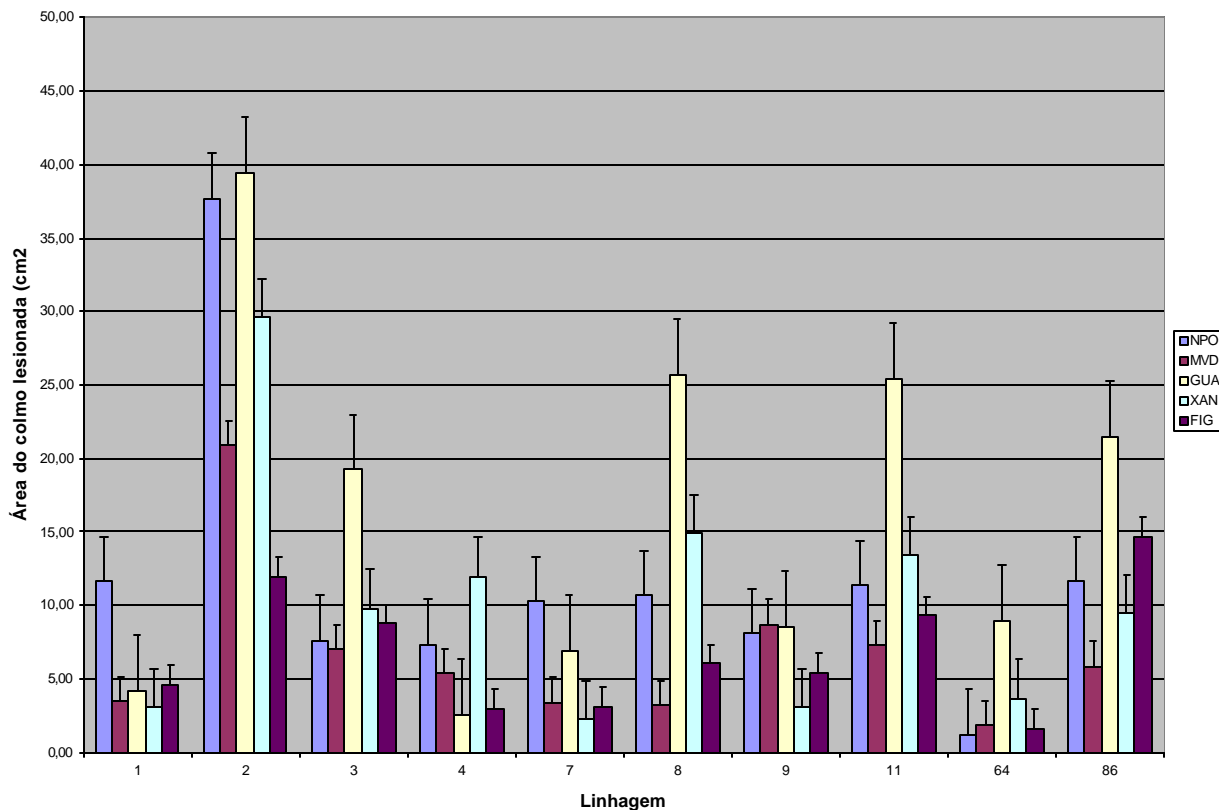


Figura 7 - Reação de 10 linhagens de milho frente a isolados de *Colletotrichum graminicola* avaliada pela área lesionada do colmo (cm²).

4.5 Estudo da variabilidade patogênica de *C. graminicola* através da reação das linhagens à inoculação nas folhas

Não houve diferença significativa entre a agressividade dos isolados, assim como nos ensaios de podridão de colmo. Houve diferença entre as reações das linhagens frente aos isolados de *Colletotrichum graminicola*. Também foi significativa a interação entre isolados e linhagens (Tabela 10).

Tabela 10. Quadro da análise da variância do ensaio realizado em casa de vegetação.

FV	GL	QM	Pr > F
Isolado (I)	4	0.256	0.08
Resíduo (a)	5	0.091	
Linhagem (L)	9	0.875	0.0001
I x L	36	0.057	0.0001
Resíduo	45	0.017	
Total	99		

CV= 20,32%

Média = 4,29 mm²

A interação entre agressividade dos isolados e reação das linhagens pode ser visualizada quando se toma as linhagens 1 e 11 e o isolado NPO (Figura 8). Esta interação no entanto não é diferencial, já que as inversões de resistência/suscetibilidade que podem ser observadas, não são estatisticamente diferentes. Ao se tomar os isolados NPO e GUA frente as linhagens 1 e 3, por exemplo, nota-se que NPO foi muito mais agressivo frente a linhagem 1, porém não diferiu do isolado GUA frente a linhagem 3.

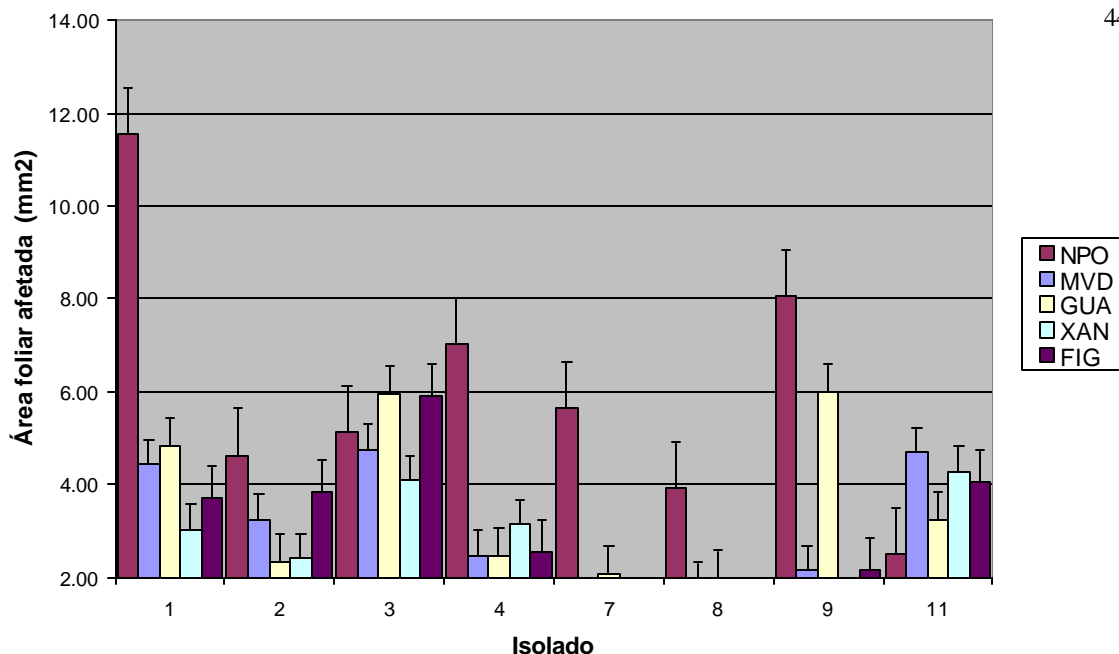


Figura 8 - Reação de 10 linhagens de milho frente a isolados de *Colletotrichum graminicola* avaliado pela área foliar lesionada (mm²).

A resistência à antracnose foliar pode ser governada por um ou poucos genes de efeito maior (Carson & Hooker, 1981; Silva et al., 1986; Badu-Apraku et al., 1987; Badu-Apraku et al. 1987b) ou vários genes (Poneleit et al., 1972; Lim & White, 1978). A resistência à antracnose foliar mostra-se governada por genes diferentes dos que conferem resistência do hospedeiro à podridão do colmo (Badu-Apraku, 1987b; White et al. 1999). A análise da correlação entre os dados de área do colmo lesionada e área foliar atacada obtida foram 0,19 para todos os dados, 0,15 para média das linhagens e 0,43 para média dos isolados, evidenciando que os fatores ligados a resistência à antracnose do colmo e folha são independentes.

Num patossistema onde existem inúmeras fontes de resistência e, principalmente, resistência governada por mais de um gene, torna-se difícil o surgimento de raças do patógeno. A existência de interação diferencial entre

genótipos resistentes e genótipos de *C. graminicola* foi sugerida por Forgey et al. (1978), porém Nicholson & Warren (1981), utilizando o mesmo material vegetal e 7 dos 10 isolados utilizados por Forgey et al. (1978), mostraram que não havia evidência da existência de raças em *Colletotrichum graminicola*, sendo confirmado posteriormente por Jenns et al. 1982 e White et al. 1987.

Os resultados obtidos por esse experimento concordam com Nicholson et al. (1981), Jenns et al. (1982) e White et al. (1987), no tocante a não ser evidente no Brasil a existência de raças de *Colletotrichum graminicola* causando antracnose foliar em milho, assim como nos Estados Unidos. A durabilidade da resistência à antracnose em milho pode ser favorecida pela existência de várias fontes e modelos de resistência.

5 Conclusões

- ✓ Os coeficientes de similaridades entre os isolados variaram entre 35 a 84%;
- ✓ Não houve uma relação entre similaridade genética e distribuição geográfica do patógeno, evidenciando que populações de *C. graminicola* constituem-se em um mosaico de genótipos.
- ✓ Existe variabilidade na agressividade de *Colletotrichum graminicola* isolado de diferentes locais e esta agressividade é influenciada pelo ambiente.
- ✓ Não existe evidências da ocorrência de raças de *Colletotrichum graminicola* entre os isolados testados, tanto para podridão de colmo para podridão foliar.

ANEXOS

ANEXOS: ENTRADAS E SAÍDAS DOS DADOS NO PACOTE ESTATÍSTICO SAS

V.6.11

Entrada Análise Rio Verde

```

options nodate nonumber ps=62 ls=78;
proc format;
  value ISOL  1=' NPO'
              2=' MVD'
              3=' GUA'
              4=' XAN'
              5=' FIG' ;

  value LINHA 1=' 64'
              2=' 86' ;

  value rep   1=' rep 1'
              2=' rep 2'
              3=' rep 3' ;
run;

data rvd;
  do i=1 to 5;
    do j=1 to 2;
      do k=1 to 3;
        input are_les@@;
        output;
      end;
    end;
  end;
label i='isol' j='linha' k='rep';
format i isol. j linha. k rep.;
cards;
0.40      0.49      .
1.46      1.55      1.38
1.09      0.95      .
1.27      1.39      1.34
1.16      1.15      .
1.53      1.48      1.62
0.91      0.97      .
1.41      1.51      1.26
1.17      1.07      .
1.61      1.48      1.38
;
run;

Title 'Dados para verificação';
proc print;
run;

proc glm;
title 'Saida ensaio Rio Verde';
class i j k;
model are_les = i j i*j;
lsmeans i*j / slice=j adjust=tukey PDIF;
run;

```


Saída Análise Rio Verde

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
1	NPO	64	rep 1	0.40
2	NPO	64	rep 2	0.49
3	NPO	64	rep 3	.
4	NPO	86	rep 1	1.46
5	NPO	86	rep 2	1.55
6	NPO	86	rep 3	1.38
7	MWD	64	rep 1	1.09
8	MWD	64	rep 2	0.95
9	MWD	64	rep 3	.
10	MWD	86	rep 1	1.27
11	MWD	86	rep 2	1.39
12	MWD	86	rep 3	1.34
13	GUA	64	rep 1	1.16
14	GUA	64	rep 2	1.15
15	GUA	64	rep 3	.
16	GUA	86	rep 1	1.53
17	GUA	86	rep 2	1.48
18	GUA	86	rep 3	1.62
19	XAN	64	rep 1	0.91
20	XAN	64	rep 2	0.97
21	XAN	64	rep 3	.
22	XAN	86	rep 1	1.41
23	XAN	86	rep 2	1.51
24	XAN	86	rep 3	1.26
25	FIG	64	rep 1	1.17
26	FIG	64	rep 2	1.07
27	FIG	64	rep 3	.
28	FIG	86	rep 1	1.61
29	FIG	86	rep 2	1.48
30	FIG	86	rep 3	1.38

Saída ensaio Rio Verde

General Linear Models Procedure
Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA MWD NPO XAN
J	2	64 86
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in data set = 30

NOTE: Due to missing values, only 25 observations can be used in this analysis.

Saída ensaio Rio Verde

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	9	2.29389733	0.25487748	34.52	0.0001
Error	15	0.11076667	0.00738444		
Corrected Total	24	2.40466400			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.953937	6.923364	0.085933	1.241200	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.33982400	0.08495600	11.50	0.0002
J	1	1.55245067	1.55245067	210.23	0.0001
I*J	4	0.40162267	0.10040567	13.60	0.0001

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.45551067	0.11387767	15.42	0.0001
J	1	1.55245067	1.55245067	210.23	0.0001
I*J	4	0.40162267	0.10040567	13.60	0.0001

Saida ensaio Rio Verde

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

I	J	ARE LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	64	1.12000000	1
FIG	86	1.49000000	2
GUA	64	1.15500000	3
GUA	86	1.54333333	4
M/D	64	1.02000000	5
M/D	86	1.33333333	6
NPO	64	0.44500000	7
NPO	86	1.46333333	8
XAN	64	0.94000000	9
XAN	86	1.39333333	10

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	0.0074	1.0000	0.0022	0.9677	0.2482	0.0001	0.0138	0.5557
2	0.0074	.	0.0168	0.9983	0.0007	0.4768	0.0001	1.0000	0.0001
3	1.0000	0.0168	.	0.0048	0.8427	0.4545	0.0001	0.0315	0.3388
4	0.0022	0.9983	0.0048	.	0.0002	0.1620	0.0001	0.9715	0.0001
5	0.9677	0.0007	0.8427	0.0002	.	0.0280	0.0002	0.0014	0.9924
6	0.2482	0.4768	0.4545	0.1620	0.0280	.	0.0001	0.6968	0.0043
7	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0002	0.0001	.	0.0001	0.0011
8	0.0138	1.0000	0.0315	0.9715	0.0014	0.6968	0.0001	.	0.0002
9	0.5557	0.0001	0.3388	0.0001	0.9924	0.0043	0.0011	0.0002	.
10	0.0703	0.9166	0.1505	0.5307	0.0069	0.9958	0.0001	0.9879	0.0011

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	10
1	0.0703
2	0.9166
3	0.1505
4	0.5307
5	0.0069
6	0.9958
7	0.0001
8	0.9879
9	0.0011
10	.

Saida ensaio Rio Verde

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J Effect Sliced by J for ARE_LES

J	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
64	4	0.659940	0.164985	22.3422	0.0001
86	4	0.081507	0.020377	2.7594	0.0668

Entrada análise Irai de Minas

```

options nodate nonumber ps=62 ls=78;
proc format;
  value ISOL  1=' NPO'
              2=' M/D'
              3=' GUA'
              4=' XAN'
              5=' FIG';

  value LINHA 1=' 64'
             2=' 86';

  value rep   1=' rep 1'
             2=' rep 2'
             3=' rep 3';
run;

data irai;
  do i=1 to 5;
    do j=1 to 2;
      do k=1 to 3;
        input are_les@@;
        output;
      end;
    end;
  end;
label i='isol' j='linha' k='rep';
format i isol. j linha. k rep.;
cards;
0.84      0.92      0.83
1.14      1.17      1.41
0.79      0.97      0.81
1.09      1.19      1.19
0.75      0.93      0.94
1.24      1.17      1.27
0.78      0.80      0.77
1.30      1.36      1.32
0.95      1.04      0.96
1.26      1.27      1.24
;
run;

title 'Dados para verificação';
proc print;
run;

proc glm;
title 'Saída ensaio Irai';
class i j k;
model are_les = i j i*j;
lsmeans i*j / slice=j adjust=tukey PDIFF;
run;

```

Saída análise Irai de Minas

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
1	NPO	64	rep 1	0.84
2	NPO	64	rep 2	0.92
3	NPO	64	rep 3	0.83
4	NPO	86	rep 1	1.14
5	NPO	86	rep 2	1.17
6	NPO	86	rep 3	1.41
7	M/D	64	rep 1	0.79
8	M/D	64	rep 2	0.97
9	M/D	64	rep 3	0.81
10	M/D	86	rep 1	1.09
11	M/D	86	rep 2	1.19
12	M/D	86	rep 3	1.19

13	GUA	64	rep 1	0.75
14	GUA	64	rep 2	0.93
15	GUA	64	rep 3	0.94
16	GUA	86	rep 1	1.24
17	GUA	86	rep 2	1.17
18	GUA	86	rep 3	1.27
19	XAN	64	rep 1	0.78
20	XAN	64	rep 2	0.80
21	XAN	64	rep 3	0.77
22	XAN	86	rep 1	1.30
23	XAN	86	rep 2	1.36
24	XAN	86	rep 3	1.32
25	FIG	64	rep 1	0.95
26	FIG	64	rep 2	1.04
27	FIG	64	rep 3	0.96
28	FIG	86	rep 1	1.26
29	FIG	86	rep 2	1.27
30	FIG	86	rep 3	1.24

Saida ensaio Irai

General Linear Models Procedure
Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA MVD NPO XAN
J	2	64 86
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in data set = 30

Saida ensaio Irai

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	9	1.12946667	0.12549630	22.69	0.0001
Error	20	0.11060000	0.00553000		
Corrected Total	29	1.24006667			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.910811	7.037600	0.074364	1.056667	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.03950000	0.00987500	1.79	0.1713
J	1	1.02305333	1.02305333	185.00	0.0001
I*J	4	0.06691333	0.01672833	3.03	0.0420

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.03950000	0.00987500	1.79	0.1713
J	1	1.02305333	1.02305333	185.00	0.0001
I*J	4	0.06691333	0.01672833	3.03	0.0420

Saida ensaio Irai

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

I	J	ARE_LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	64	0.98333333	1
FIG	86	1.25666667	2
GUA	64	0.87333333	3
GUA	86	1.22666667	4
M/D	64	0.85666667	5
M/D	86	1.15666667	6
NPO	64	0.86333333	7
NPO	86	1.24000000	8
XAN	64	0.78333333	9
XAN	86	1.32666667	10

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	0.0065	0.7214	0.0189	0.5556	0.1835	0.6229	0.0118	0.0817
2	0.0065	.	0.0001	1.0000	0.0001	0.8107	0.0001	1.0000	0.0001
3	0.7214	0.0001	.	0.0004	1.0000	0.0045	1.0000	0.0002	0.8840
4	0.0189	1.0000	0.0004	.	0.0002	0.9718	0.0003	1.0000	0.0001
5	0.5556	0.0001	1.0000	0.0002	.	0.0025	1.0000	0.0001	0.9625
6	0.1835	0.8107	0.0045	0.9718	0.0025	.	0.0032	0.9221	0.0002
7	0.6229	0.0001	1.0000	0.0003	1.0000	0.0032	.	0.0002	0.9378
8	0.0118	1.0000	0.0002	1.0000	0.0001	0.9221	0.0002	.	0.0001
9	0.0817	0.0001	0.8840	0.0001	0.9625	0.0002	0.9378	0.0001	.
10	0.0005	0.9718	0.0001	0.8107	0.0001	0.2016	0.0001	0.9042	0.0001

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	10
1	0.0005
2	0.9718
3	0.0001
4	0.8107
5	0.0001
6	0.2016
7	0.0001
8	0.9042
9	0.0001
10	.

Saida ensaio Irai

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J Effect Sliced by J for ARE_LES

J	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
64	4	0.061707	0.015427	2.7896	0.0544
86	4	0.044707	0.011177	2.0211	0.1301

Entrada Análise Conjunta

```

0. 95      1. 04      0. 96
1. 17      1. 07      .
1. 26      1. 27      1. 24
1. 61      1. 48      1. 38
;
run;

*Title "Dados para verificação";
*proc print;
*run;

proc sort;
  by 1;
run;

proc glm;
  title 'Análises individuais';
  by 1;
  class i j k;
  model are_les = i j k ;
run;

*proc glm;
  title 'Análise conjunta 1';
  * class i j l k;
  * model are_les = l k(l) i j l i*l j*l i*j i*j*l;
*run;

proc glm;
  class i j l k;
  model are_les = l k(l) i j l i*l j*l i*j i*j*l;
  lsmeans i*l/slice=1 adjust = tukey PDIF;
  lsmeans j*l/slice=1 adjust= tukey PDIF;
  lsmeans i*j*l/slice=1 adjust=tukey PDIF;
run;

```

Saída Análise Conjunta

Análises individuais

----- local=Irai -----

General Linear Models Procedure Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA MVD NPO XAN
J	2	64 86
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in by group = 30

Análises individuais

----- local=Irai -----

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	7	1.09018000	0.15574000	22.86	0.0001
Error	22	0.14988667	0.00681303		
Corrected Total	29	1.24006667			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.879130	7.811459	0.082541	1.056667	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.03950000	0.00987500	1.45	0.2514
J	1	1.02305333	1.02305333	150.16	0.0001
K	2	0.02762667	0.01381333	2.03	0.1555

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.03950000	0.00987500	1.45	0.2514
J	1	1.02305333	1.02305333	150.16	0.0001
K	2	0.02762667	0.01381333	2.03	0.1555

Análises individuais

----- local=Rio_Ver -----

General Linear Models Procedure Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA MVD NPO XAN
J	2	64 86
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in by group = 30

NOTE: Due to missing values, only 25 observations can be used in this analysis.

Análises individuais

----- local=Rio_Ver -----

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	7	2.01116300	0.28730900	8.55	0.0002
Error	17	0.57134100	0.03360829		
Corrected Total	24	2.58250400			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.778765	14.81779	0.183326	1.237200	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.37846400	0.09461600	2.82	0.0583
J	1	1.61409067	1.61409067	48.03	0.0001

K	2	0.01860833	0.00930417	0.28	0.7615
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	0.37846400	0.09461600	2.82	0.0583
J	1	1.47424500	1.47424500	43.87	0.0001
K	2	0.01860833	0.00930417	0.28	0.7615

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA M/D NPO XAN
J	2	64 86
L	2	Irai Rio_Ver
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in data set = 60

NOTE: Due to missing values, only 55 observations can be used in this analysis.

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	23	4.07787924	0.17729910	29.06	0.0001
Error	31	0.18913167	0.00610102		
Corrected Total	54	4.26701091			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.955676	6.859328	0.078109	1.138727	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
L	1	0.44444024	0.44444024	72.85	0.0001
K(L)	4	0.18608067	0.04652017	7.62	0.0002
I	4	0.23797455	0.05949364	9.75	0.0001
J	1	2.40681800	2.40681800	394.49	0.0001
I*L	4	0.17998945	0.04499736	7.38	0.0003
J*L	1	0.09048033	0.09048033	14.83	0.0006
I*J	4	0.27493081	0.06873270	11.27	0.0001
I*J*L	4	0.25716519	0.06429130	10.54	0.0001
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
L	1	0.16286700	0.16286700	26.70	0.0001
K(L)	4	0.04623500	0.01155875	1.89	0.1364
I	4	0.34734296	0.08683574	14.23	0.0001
J	1	2.49705633	2.49705633	409.28	0.0001
I*L	4	0.25953556	0.06488389	10.63	0.0001
J*L	1	0.09048033	0.09048033	14.83	0.0006
I*J	4	0.31918296	0.07979574	13.08	0.0001
I*J*L	4	0.25716519	0.06429130	10.54	0.0001

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

I	L	ARE_LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	Irai	1.12000000	1
FIG	Rio_Ver	1.29283333	2
GUA	Irai	1.05000000	3
GUA	Rio_Ver	1.33700000	4
MVD	Irai	1.00666667	5
MVD	Rio_Ver	1.16450000	6
NPO	Irai	1.05166667	7
NPO	Rio_Ver	0.91700000	8
XAN	Irai	1.05500000	9
XAN	Rio_Ver	1.15450000	10

Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	0.0334	0.8601	0.0032	0.3006	0.9945	0.8758	0.0069	0.9041
2	0.0334	.	0.0007	0.9962	0.0001	0.2849	0.0008	0.0001	0.0010
3	0.8601	0.0007	.	0.0001	0.9925	0.3777	1.0000	0.1982	1.0000
4	0.0032	0.9962	0.0001	.	0.0001	0.0479	0.0001	0.0001	0.0001
5	0.3006	0.0001	0.9925	0.0001	.	0.0687	0.9902	0.6975	0.9841
6	0.9945	0.2849	0.3777	0.0479	0.0687	.	0.3974	0.0010	0.4381
7	0.8758	0.0008	1.0000	0.0001	0.9902	0.3974	.	0.1857	1.0000
8	0.0069	0.0001	0.1982	0.0001	0.6975	0.0010	0.1857	.	0.1627
9	0.9041	0.0010	1.0000	0.0001	0.9841	0.4381	1.0000	0.1627	.
10	0.9992	0.2006	0.5021	0.0299	0.1076	1.0000	0.5240	0.0017	0.5683

Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	10
1	0.9992
2	0.2006
3	0.5021
4	0.0299
5	0.1076
6	1.0000
7	0.5240
8	0.0017
9	0.5683
10	.

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*L Effect Sliced by L for ARE_LES

L	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Irai	4	0.039500	0.009875	1.6186	0.1945
Rio_Ver	4	0.514591	0.128648	21.0863	0.0001

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

J	L	ARE_LES LSMEAN	Pr > T i/j	H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)	1	2	3	4
64	Irai	0.87200000	1	.	0.8305	0.0001	0.0001	
64	Rio_Ver	0.90166667	2	0.8305	.	0.0001	0.0001	
86	Irai	1.24133333	3	0.0001	0.0001	.	0.0001	
86	Rio_Ver	1.44466667	4	0.0001	0.0001	0.0001	.	

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

J*L Effect Sliced by L for ARE_LES

L	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Irai	1	1.023053	1.023053	167.7	0.0001
Rio_Ver	1	1.474245	1.474245	241.6	0.0001

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

I	J	L	ARE LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	64	Irai	0.98333333	1
FIG	64	Rio_Ver	1.09566667	2
FIG	86	Irai	1.25666667	3
FIG	86	Rio_Ver	1.49000000	4
GUA	64	Irai	0.87333333	5
GUA	64	Rio_Ver	1.13066667	6
GUA	86	Irai	1.22666667	7
GUA	86	Rio_Ver	1.54333333	8
MWD	64	Irai	0.85666667	9
MWD	64	Rio_Ver	0.99566667	10
MWD	86	Irai	1.15666667	11
MWD	86	Rio_Ver	1.33333333	12
NPO	64	Irai	0.86333333	13
NPO	64	Rio_Ver	0.37066667	14
NPO	86	Irai	1.24000000	15
NPO	86	Rio_Ver	1.46333333	16
XAN	64	Irai	0.78333333	17
XAN	64	Rio_Ver	0.91566667	18
XAN	86	Irai	1.32666667	19
XAN	86	Rio_Ver	1.39333333	20

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	0.9866	0.0178	0.0001	0.9621	0.8678	0.0555	0.0001	0.8847
2	0.9866	.	0.7722	0.0009	0.2640	1.0000	0.9451	0.0001	0.1725
3	0.0178	0.7722	.	0.0792	0.0002	0.9605	1.0000	0.0105	0.0001
4	0.0001	0.0009	0.0792	.	0.0001	0.0032	0.0263	1.0000	0.0001
5	0.9621	0.2640	0.0002	0.0001	.	0.1028	0.0006	0.0001	1.0000
6	0.8678	1.0000	0.9605	0.0032	0.1028	.	0.9976	0.0004	0.0619
7	0.0555	0.9451	1.0000	0.0263	0.0006	0.9976	.	0.0030	0.0003
8	0.0001	0.0001	0.0105	1.0000	0.0001	0.0004	0.0030	.	0.0001
9	0.8847	0.1725	0.0001	0.0001	1.0000	0.0619	0.0003	0.0001	.
10	1.0000	0.9984	0.0922	0.0001	0.9696	0.9614	0.2128	0.0001	0.9125
11	0.4506	1.0000	0.9845	0.0015	0.0120	1.0000	0.9998	0.0002	0.0061
12	0.0007	0.1788	0.9993	0.6207	0.0001	0.4082	0.9712	0.1705	0.0001
13	0.9224	0.2057	0.0001	0.0001	1.0000	0.0761	0.0004	0.0001	1.0000
14	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001
15	0.0339	0.8852	1.0000	0.0435	0.0004	0.9899	1.0000	0.0053	0.0002
16	0.0001	0.0024	0.1887	1.0000	0.0001	0.0085	0.0705	0.9987	0.0001
17	0.2294	0.0174	0.0001	0.0001	0.9949	0.0050	0.0001	0.0001	0.9996
18	1.0000	0.7183	0.0063	0.0001	1.0000	0.4292	0.0182	0.0001	1.0000
19	0.0010	0.2128	0.9998	0.5517	0.0001	0.4647	0.9845	0.1383	0.0001
20	0.0001	0.0287	0.8113	0.9890	0.0001	0.0877	0.5174	0.6885	0.0001

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	1.0000	0.4506	0.0007	0.9224	0.0001	0.0339	0.0001	0.2294	1.0000
2	0.9984	1.0000	0.1788	0.2057	0.0001	0.8852	0.0024	0.0174	0.7183
3	0.0922	0.9845	0.9993	0.0001	0.0001	1.0000	0.1887	0.0001	0.0063
4	0.0001	0.0015	0.6207	0.0001	0.0001	0.0435	1.0000	0.0001	0.0001
5	0.9696	0.0120	0.0001	1.0000	0.0001	0.0004	0.0001	0.9949	1.0000

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J*L
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	10	11	12	13	14	15	16	17	18
6	0.9614	1.0000	0.4082	0.0761	0.0001	0.9899	0.0085	0.0050	0.4292
7	0.2128	0.9998	0.9712	0.0004	0.0001	1.0000	0.0705	0.0001	0.0182
8	0.0001	0.0002	0.1705	0.0001	0.0001	0.0053	0.9987	0.0001	0.0001
9	0.9125	0.0061	0.0001	1.0000	0.0001	0.0002	0.0001	0.9996	1.0000
10	.	0.7722	0.0071	0.9403	0.0001	0.1491	0.0001	0.3327	0.9999
11	0.7722	.	0.4185	0.0080	0.0001	0.9979	0.0046	0.0003	0.1634
12	0.0071	0.4185	.	0.0001	0.0001	0.9924	0.8624	0.0001	0.0004
13	0.9403	0.0080	0.0001	.	0.0001	0.0002	0.0001	0.9987	1.0000
14	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	.	0.0001	0.0001	0.0004	0.0001
15	0.1491	0.9979	0.9924	0.0002	0.0001	.	0.1113	0.0001	0.0114
16	0.0001	0.0046	0.8624	0.0001	0.0001	0.1113	.	0.0001	0.0001
17	0.3327	0.0003	0.0001	0.9987	0.0004	0.0001	0.0001	.	0.9403
18	0.9999	0.1634	0.0004	1.0000	0.0001	0.0114	0.0001	0.9403	.
19	0.0090	0.4837	1.0000	0.0001	0.0001	0.9967	0.8113	0.0001	0.0005
20	0.0008	0.0705	1.0000	0.0001	0.0001	0.6549	0.9998	0.0001	0.0001

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

i/j	19	20
1	0.0010	0.0001
2	0.2128	0.0287
3	0.9998	0.8113
4	0.5517	0.9890
5	0.0001	0.0001
6	0.4647	0.0877
7	0.9845	0.5174
8	0.1383	0.6885
9	0.0001	0.0001
10	0.0090	0.0008
11	0.4837	0.0705
12	1.0000	1.0000
13	0.0001	0.0001
14	0.0001	0.0001
15	0.9967	0.6549
16	0.8113	0.9998
17	0.0001	0.0001
18	0.0005	0.0001
19	.	0.9999
20	0.9999	.

Análise conjunta 1

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J*L Effect Sliced by L for ARE_LES

L	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Irai	9	1.129467	0.125496	20.5697	0.0001
Rio_Ver	9	2.317892	0.257544	42.2132	0.0001

Entrada análise ensaio Podridão de Colmo

```

options nodate nonumber ps=62 ls=78;
proc format;
  value ISOL  1=' NPO'
             2=' MVD'
             3=' GUA'
             4=' XAN'
             5=' FIG' ;

  value LINHA 1=' 1'
             2=' 2'
             3=' 3'
             4=' 4'
             5=' 7'
             6=' 8'
             7=' 9'
             8=' 11'
             9=' 64'
            10=' 86' ;

  value rep  1=' rep 1'
            2=' rep 2'
            3=' rep 3' ;

run;

data crvcolm;
  do i=1 to 5;
    do j=1 to 10;
      do k=1 to 3;
        input are_les@;
        output;
      end;
    end;
  end;
  label i='isolado' j='linhagem' k='repeticao';
  format i isol. j linha. k rep.;
cards;
0. 796088429      0. 437592032      0. 805296916
1. 461153235      1. 469615861      1. 521399628
0. 716587578      1. 211360859      1. 039295118
1. 317854489      1. 15250238       0. 594282029
0. 416806872      0. 530199698      0. 74296067
1. 149619342      0. 799340549      1. 440594262
0. 397940009      0. 452859336      0. 84509804
1. 077004327      1. 207472789      1. 178775572
0. 522052801      0. 904715545      0. 430880946
0. 836956737      1. 02820512       1. 152288344
0. 643156466      1. 07747692       0. 829689641
1. 645097901      1. 625960322      1. 525005913
1. 355125725      1. 311753861      1. 246129126
0. 447158031      0. 779957051      0. 540704783
.                  0. 949390007      0. 840733235
1. 639954399      1. 252537507      1. 265760917
0. 756864224      1. 105169428      1. 006423253
.                  1. 371437317      1. 468937806
1                  0. 697490887      1. 154728207
1. 196093244      1. 490800952      1. 209702632
1. 017325555      1. 055760465      0. 593175263
1. 422097163      1. 678336247      1. 054344889
0. 584896344      0. 962321973      0. 674217946
1. 104145551      0. 567614443      0. 773274348
0. 576686805      0. 865281685      0. 802294711
0. 641474111      0. 880070084      0. 751279104
1. 104726044      0. 872331121      0. 636588184
0. 762903528      1. 188844147      0. 787460475
0. 040562785      0. 356217134      0. 409933123
0. 853698212      1. 281873857      0. 95409772
0. 747644819      0. 583198774      1. 159657411
1. 437592032      1. 430929252      1. 591876757
1. 147676324      0. 646697731      1. 145165317
0. 871572936      0. 432969291      0. 935557645
0. 60991441      0. 446070936      1. 351989455
0. 654176542      0. 407730728      1. 36674039
1. 32331399      0. 556302501      0. 849603658

```

```

1. 077985291      0. 827563111      1. 200385324
0. 548143637      0. 36361198      0. 386677284
0. 927010869      0. 483301952      1. 066959198
0. 624282096      0. 809088131      0. 94875518
0. 868468099      1. 299725154      1. 067182486
1. 171931123      0. 62797999      1. 006166425
0. 53058386      0. 444513206      0. 752586179
0. 60906055      0. 567379308      0. 658679029
0. 764699064      0. 726971584      0. 995064534
0. 677333151      1. 028164419      0. 591064607
1. 212799981      0. 768119894      0. 940167714
0. 408239965      0. 430719888      0. 397418542
1. 193430724      1. 148510111      1. 252051637
;
run;
proc print;
title 'Dados para verificação';
run;

proc glm;
class i j k;
model are_les = i k(i) j i*j;
test h=i e=k(i);
*RUN;

output out=residuos PREDICTED=Preditos RESIDUAL=Residuos student=res_pad;

lsmeans i*j / slice=i adjust=tukey PDIF;
lsmeans i*j / slice=j adjust=tukey PDIF;
lsmeans i;
lsmeans j;
lsmeans i*j;
run;
proc glm;
title 'DECOMPOSIÇÃO CORRETA DENTRO DE i';
class i j k;
model are_les = i j i*j;
test h=i e=k(i);
output out=residuos PREDICTED=Preditos RESIDUAL=Residuos student=res_pad;
lsmeans i*j / slice=i adjust=tukey PDIF;
run;

```

Saída ensaio Podridão de Colmo

Dados para verificação				
OBS	I	J	K	ARE_LES
1	NP0	1	rep 1	0. 79609
2	NP0	1	rep 2	0. 43759
3	NP0	1	rep 3	0. 80530
4	NP0	2	rep 1	1. 46115
5	NP0	2	rep 2	1. 46962
6	NP0	2	rep 3	1. 52140
7	NP0	3	rep 1	0. 71659
8	NP0	3	rep 2	1. 21136
9	NP0	3	rep 3	1. 03930
10	NP0	4	rep 1	1. 31785
11	NP0	4	rep 2	1. 15250
12	NP0	4	rep 3	0. 59428
13	NP0	7	rep 1	0. 41681
14	NP0	7	rep 2	0. 53020
15	NP0	7	rep 3	0. 74296
16	NP0	8	rep 1	1. 14962
17	NP0	8	rep 2	0. 79934
18	NP0	8	rep 3	1. 44059
19	NP0	9	rep 1	0. 39794
20	NP0	9	rep 2	0. 45286
21	NP0	9	rep 3	0. 84510
22	NP0	11	rep 1	1. 07700
23	NP0	11	rep 2	1. 20747
24	NP0	11	rep 3	1. 17878
25	NP0	64	rep 1	0. 52205

26	NPO	64	rep 2	0. 90472
27	NPO	64	rep 3	0. 43088
28	NPO	86	rep 1	0. 83696
29	NPO	86	rep 2	1. 02821
30	NPO	86	rep 3	1. 15229
31	MWD	1	rep 1	0. 64316
32	MWD	1	rep 2	1. 07748
33	MWD	1	rep 3	0. 82969
34	MWD	2	rep 1	1. 64510
35	MWD	2	rep 2	1. 62596
36	MWD	2	rep 3	1. 52501
37	MWD	3	rep 1	1. 35513
38	MWD	3	rep 2	1. 31175
39	MWD	3	rep 3	1. 24613
40	MWD	4	rep 1	0. 44716
41	MWD	4	rep 2	0. 77996
42	MWD	4	rep 3	0. 54070
43	MWD	7	rep 1	.
44	MWD	7	rep 2	0. 94939
45	MWD	7	rep 3	0. 84073
46	MWD	8	rep 1	1. 63995
47	MWD	8	rep 2	1. 25254
48	MWD	8	rep 3	1. 26576
49	MWD	9	rep 1	0. 75686
50	MWD	9	rep 2	1. 10517
51	MWD	9	rep 3	1. 00642
52	MWD	11	rep 1	.
53	MWD	11	rep 2	1. 37144
54	MWD	11	rep 3	1. 46894
55	MWD	64	rep 1	1. 00000
56	MWD	64	rep 2	0. 69749
57	MWD	64	rep 3	1. 15473
58	MWD	86	rep 1	1. 19609

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
59	MWD	86	rep 2	1. 49080
60	MWD	86	rep 3	1. 20970
61	GUA	1	rep 1	1. 01733
62	GUA	1	rep 2	1. 05576
63	GUA	1	rep 3	0. 59318
64	GUA	2	rep 1	1. 42210
65	GUA	2	rep 2	1. 67834
66	GUA	2	rep 3	1. 05434
67	GUA	3	rep 1	0. 58490
68	GUA	3	rep 2	0. 96232
69	GUA	3	rep 3	0. 67422
70	GUA	4	rep 1	1. 10415
71	GUA	4	rep 2	0. 56761
72	GUA	4	rep 3	0. 77327
73	GUA	7	rep 1	0. 57669
74	GUA	7	rep 2	0. 86528
75	GUA	7	rep 3	0. 80229
76	GUA	8	rep 1	0. 64147
77	GUA	8	rep 2	0. 88007
78	GUA	8	rep 3	0. 75128
79	GUA	9	rep 1	1. 10473
80	GUA	9	rep 2	0. 87233
81	GUA	9	rep 3	0. 63659
82	GUA	11	rep 1	0. 76290
83	GUA	11	rep 2	1. 18884
84	GUA	11	rep 3	0. 78746
85	GUA	64	rep 1	0. 04056
86	GUA	64	rep 2	0. 35622
87	GUA	64	rep 3	0. 40993
88	GUA	86	rep 1	0. 85370
89	GUA	86	rep 2	1. 28187
90	GUA	86	rep 3	0. 95410
91	XAN	1	rep 1	0. 74764
92	XAN	1	rep 2	0. 58320
93	XAN	1	rep 3	1. 15966
94	XAN	2	rep 1	1. 43759
95	XAN	2	rep 2	1. 43093
96	XAN	2	rep 3	1. 59188
97	XAN	3	rep 1	1. 14768

98	XAN	3	rep 2	0.64670
99	XAN	3	rep 3	1.14517
100	XAN	4	rep 1	0.87157
101	XAN	4	rep 2	0.43297
102	XAN	4	rep 3	0.93556
103	XAN	7	rep 1	0.60991
104	XAN	7	rep 2	0.44607
105	XAN	7	rep 3	1.35199
106	XAN	8	rep 1	0.65418
107	XAN	8	rep 2	0.40773
108	XAN	8	rep 3	1.36674
109	XAN	9	rep 1	1.32331
110	XAN	9	rep 2	0.55630
111	XAN	9	rep 3	0.84960
112	XAN	11	rep 1	1.07799
113	XAN	11	rep 2	0.82756
114	XAN	11	rep 3	1.20039
115	XAN	64	rep 1	0.54814
116	XAN	64	rep 2	0.36361

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
117	XAN	64	rep 3	0.38668
118	XAN	86	rep 1	0.92701
119	XAN	86	rep 2	0.48330
120	XAN	86	rep 3	1.06696
121	FIG	1	rep 1	0.62428
122	FIG	1	rep 2	0.80909
123	FIG	1	rep 3	0.94876
124	FIG	2	rep 1	0.86847
125	FIG	2	rep 2	1.29973
126	FIG	2	rep 3	1.06718
127	FIG	3	rep 1	1.17193
128	FIG	3	rep 2	0.62798
129	FIG	3	rep 3	1.00617
130	FIG	4	rep 1	0.53058
131	FIG	4	rep 2	0.44451
132	FIG	4	rep 3	0.75259
133	FIG	7	rep 1	0.60906
134	FIG	7	rep 2	0.56738
135	FIG	7	rep 3	0.65868
136	FIG	8	rep 1	0.76470
137	FIG	8	rep 2	0.72697
138	FIG	8	rep 3	0.99506
139	FIG	9	rep 1	0.67733
140	FIG	9	rep 2	1.02816
141	FIG	9	rep 3	0.59106
142	FIG	11	rep 1	1.21280
143	FIG	11	rep 2	0.76812
144	FIG	11	rep 3	0.94017
145	FIG	64	rep 1	0.40824
146	FIG	64	rep 2	0.43072
147	FIG	64	rep 3	0.39742
148	FIG	86	rep 1	1.19343
149	FIG	86	rep 2	1.14851
150	FIG	86	rep 3	1.25205

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA M/D NPO XAN
J	10	1 11 2 3 4 64 7 8 86 9
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in data set = 150

NOTE: Due to missing values, only 148 observations can be used in this

analysis.

Dados para verificação

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Model	59	13.97379664	0.23684401	5.70	0.0001
Error	88	3.65439284	0.04152719		
Corrected Total	147	17.62818948			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES Mean	
	0.792696	22.27078	0.203782	0.915020	

Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.68014095	0.42003524	10.11	0.0001
K(I)	10	1.61543647	0.16154365	3.89	0.0002
J	9	7.95656122	0.88406236	21.29	0.0001
I*J	36	2.72165801	0.07560161	1.82	0.0123

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.61322200	0.40330550	9.71	0.0001
K(I)	10	1.61174401	0.16117440	3.88	0.0002
J	9	7.98488728	0.88720970	21.36	0.0001
I*J	36	2.72165801	0.07560161	1.82	0.0123

Tests of Hypotheses using the Type III MS for K(I) as an error term

Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.61322200	0.40330550	2.50	0.1092

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

I	J	ARE_LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	1	0.79404180	1
FIG	11	0.97369586	2
FIG	2	1.07845858	3
FIG	3	0.93535918	4
FIG	4	0.57589442	5
FIG	64	0.41212613	6
FIG	7	0.61170630	7
FIG	8	0.82891173	8
FIG	86	1.19799749	9
FIG	9	0.76552073	10
GUA	1	0.88875376	11
GUA	11	0.91306938	12
GUA	2	1.38492610	13
GUA	3	0.74047875	14
GUA	4	0.81501145	15
GUA	64	0.26890435	16
GUA	7	0.74808773	17
GUA	8	0.75760777	18
GUA	86	1.02988993	19
GUA	9	0.87121512	20
M/D	1	0.85010768	21
M/D	11	1.40451274	22
M/D	2	1.59868805	23

M/D	3	1.30433624	24
M/D	4	0.58927329	25
M/D	64	0.95073970	26
M/D	7	0.87938680	27
M/D	8	1.38608427	28
M/D	86	1.29886561	29
M/D	9	0.95615230	30
N/P	1	0.67965913	31
N/P	11	1.15441756	32
N/P	2	1.48405624	33
N/P	3	0.98908119	34
N/P	4	1.02154630	35
N/P	64	0.61921643	36
N/P	7	0.56332241	37
N/P	8	1.12985138	38
N/P	86	1.00581673	39
N/P	9	0.56529913	40
X/A	1	0.83016700	41
X/A	11	1.03531124	42
X/A	2	1.48679935	43
X/A	3	0.97984646	44
X/A	4	0.74669996	45
X/A	64	0.43281097	46
X/A	7	0.80265827	47
X/A	8	0.80954922	48
X/A	86	0.82575734	49
X/A	9	0.90974005	50

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.9763	1.0000	1.0000	0.9490
2	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.9582	0.3460	0.9897	1.0000	1.0000
3	0.9999	1.0000	.	1.0000	0.6123	0.0751	0.7707	1.0000	1.0000
4	1.0000	1.0000	1.0000	.	0.9908	0.5150	0.9987	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.9582	0.6123	0.9908	.	1.0000	1.0000	1.0000	0.1536
6	0.9763	0.3460	0.0751	0.5150	1.0000	.	1.0000	0.9253	0.0073
7	1.0000	0.9897	0.7707	0.9987	1.0000	1.0000	.	1.0000	0.2548
8	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9253	1.0000	.	0.9859
9	0.9490	1.0000	1.0000	1.0000	0.1536	0.0073	0.2548	0.9859	.
10	1.0000	1.0000	0.9993	1.0000	1.0000	0.9931	1.0000	1.0000	0.8874
11	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9993	0.7297	1.0000	1.0000	0.9995
12	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9970	0.6199	0.9997	1.0000	0.9999
13	0.2398	0.9363	0.9996	0.8348	0.0044	0.0001	0.0096	0.3687	1.0000
14	1.0000	1.0000	0.9969	1.0000	1.0000	0.9982	1.0000	1.0000	0.8064
15	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9507	1.0000	1.0000	0.9753
16	0.5061	0.0376	0.0044	0.0749	0.9996	1.0000	0.9960	0.3523	0.0003
17	1.0000	1.0000	0.9980	1.0000	1.0000	0.9972	1.0000	1.0000	0.8336
18	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	0.9954	1.0000	1.0000	0.8645
19	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8192	0.1639	0.9223	1.0000	1.0000
20	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	0.8005	1.0000	1.0000	0.9984
21	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8717	1.0000	1.0000	0.9948
22	0.4410	0.9775	0.9999	0.9300	0.0222	0.0009	0.0408	0.5843	1.0000
23	0.0049	0.1470	0.5291	0.0791	0.0001	0.0001	0.0001	0.0103	0.9541
24	0.5759	0.9980	1.0000	0.9859	0.0238	0.0007	0.0471	0.7349	1.0000
25	1.0000	0.9739	0.6742	0.9952	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1871
26	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9821	0.4442	0.9967	1.0000	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9333	1.0000	1.0000	0.9999
28	0.2361	0.9341	0.9995	0.8308	0.0043	0.0001	0.0093	0.3639	1.0000
29	0.6017	0.9985	1.0000	0.9889	0.0265	0.0007	0.0520	0.7577	1.0000
30	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9778	0.4201	0.9956	1.0000	1.0000
31	1.0000	0.9998	0.9568	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.5380
32	0.9904	1.0000	1.0000	1.0000	0.2816	0.0181	0.4259	0.9985	1.0000
33	0.0494	0.5756	0.9463	0.3997	0.0004	0.0001	0.0010	0.0908	0.9999
34	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9326	0.2873	0.9801	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8478	0.1853	0.9389	1.0000	1.0000
36	1.0000	0.9927	0.8000	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.2807
37	1.0000	0.9379	0.5531	0.9840	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1266

38	0.9973	1.0000	1.0000	1.0000	0.3773	0.0294	0.5389	0.9997	1.0000
39	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8943	0.2309	0.9631	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.9415	0.5624	0.9853	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1305
41	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9226	1.0000	1.0000	0.9866
42	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7993	0.1511	0.9101	1.0000	1.0000
43	0.0470	0.5627	0.9416	0.3880	0.0004	0.0001	0.0010	0.0867	0.9999
44	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9490	0.3218	0.9864	1.0000	1.0000
45	1.0000	1.0000	0.9978	1.0000	1.0000	0.9974	1.0000	1.0000	0.8288
46	0.9900	0.4340	0.1062	0.6124	1.0000	1.0000	1.0000	0.9605	0.0113
47	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9675	1.0000	1.0000	0.9615
48	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9587	1.0000	1.0000	0.9698
49	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9317	1.0000	1.0000	0.9839
50	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9975	0.6355	0.9998	1.0000	0.9999

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	1.0000	1.0000	1.0000	0.2398	1.0000	1.0000	0.5061	1.0000	1.0000
2	1.0000	1.0000	1.0000	0.9363	1.0000	1.0000	0.0376	1.0000	1.0000
3	0.9993	1.0000	1.0000	0.9996	0.9969	1.0000	0.0044	0.9980	0.9989
4	1.0000	1.0000	1.0000	0.8348	1.0000	1.0000	0.0749	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.9993	0.9970	0.0044	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000
6	0.9931	0.7297	0.6199	0.0001	0.9982	0.9507	1.0000	0.9972	0.9954
7	1.0000	1.0000	0.9997	0.0096	1.0000	1.0000	0.9960	1.0000	1.0000
8	1.0000	1.0000	1.0000	0.3687	1.0000	1.0000	0.3523	1.0000	1.0000
9	0.8874	0.9995	0.9999	1.0000	0.8064	0.9753	0.0003	0.8336	0.8645
10	.	1.0000	1.0000	0.1600	1.0000	1.0000	0.6401	1.0000	1.0000
11	1.0000	.	1.0000	0.6422	1.0000	1.0000	0.1589	1.0000	1.0000
12	1.0000	1.0000	.	0.7499	1.0000	1.0000	0.1088	1.0000	1.0000
13	0.1600	0.6422	0.7499	.	0.1083	0.1083	0.3134	0.0001	0.1223
14	1.0000	1.0000	1.0000	0.1083	.	1.0000	0.7511	1.0000	1.0000
15	1.0000	1.0000	1.0000	0.3134	1.0000	.	0.4110	1.0000	1.0000
16	0.6401	0.1589	0.1088	0.0001	0.7511	0.4110	.	0.7187	0.6764
17	1.0000	1.0000	1.0000	0.1223	1.0000	1.0000	0.7187	.	1.0000
18	1.0000	1.0000	1.0000	0.1419	1.0000	1.0000	0.6764	1.0000	.
19	1.0000	1.0000	1.0000	0.9925	0.9999	1.0000	0.0124	0.9999	1.0000
20	1.0000	1.0000	1.0000	0.5598	1.0000	1.0000	0.2050	1.0000	1.0000
21	1.0000	1.0000	1.0000	0.4614	1.0000	1.0000	0.2722	1.0000	1.0000
22	0.3343	0.8133	0.8827	1.0000	0.2536	0.5264	0.0001	0.2767	0.3073
23	0.0026	0.0341	0.0535	1.0000	0.0015	0.0077	0.0001	0.0017	0.0022
24	0.4433	0.9278	0.9666	1.0000	0.3369	0.6736	0.0001	0.3678	0.4083
25	1.0000	0.9997	0.9987	0.0059	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000
26	1.0000	1.0000	1.0000	0.8827	1.0000	1.0000	0.0572	1.0000	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	0.8447	1.0000	1.0000	0.4410	1.0000	1.0000
28	0.1572	0.6368	0.7450	1.0000	0.1062	0.3090	0.0001	0.1201	0.1394
29	0.4681	0.9384	0.9726	1.0000	0.3589	0.6982	0.0001	0.3908	0.4324
30	1.0000	1.0000	1.0000	0.8973	1.0000	1.0000	0.0519	1.0000	1.0000
31	1.0000	1.0000	1.0000	0.0372	1.0000	1.0000	0.9372	1.0000	1.0000
32	0.9693	1.0000	1.0000	1.0000	0.9311	0.9966	0.0008	0.9451	0.9596
33	0.0289	0.2259	0.3093	1.0000	0.0176	0.0717	0.0001	0.0205	0.0248
34	1.0000	1.0000	1.0000	0.9609	1.0000	1.0000	0.0280	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	0.9890	0.9999	1.0000	0.0147	1.0000	1.0000
36	1.0000	1.0000	0.9998	0.0112	1.0000	1.0000	0.9941	1.0000	1.0000
37	1.0000	0.9985	0.9942	0.0033	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000
38	0.9885	1.0000	1.0000	1.0000	0.9688	0.9992	0.0014	0.9764	0.9839
39	1.0000	1.0000	1.0000	0.9787	1.0000	1.0000	0.0202	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.9987	0.9948	0.0035	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000
41	1.0000	1.0000	1.0000	0.3740	1.0000	1.0000	0.3473	1.0000	1.0000
42	1.0000	1.0000	1.0000	0.9943	0.9998	1.0000	0.0110	0.9999	1.0000
43	0.0274	0.2175	0.2991	1.0000	0.0167	0.0683	0.0001	0.0195	0.0235
44	1.0000	1.0000	1.0000	0.9472	1.0000	1.0000	0.0334	1.0000	1.0000
45	1.0000	1.0000	1.0000	0.1196	1.0000	1.0000	0.7247	1.0000	1.0000
46	0.9977	0.8122	0.7140	0.0002	0.9995	0.9760	1.0000	0.9992	0.9986
47	1.0000	1.0000	1.0000	0.2685	1.0000	1.0000	0.4662	1.0000	1.0000
48	1.0000	1.0000	1.0000	0.2930	1.0000	1.0000	0.4351	1.0000	1.0000
49	1.0000	1.0000	1.0000	0.3558	1.0000	1.0000	0.3653	1.0000	1.0000
50	1.0000	1.0000	1.0000	0.7359	1.0000	1.0000	0.1148	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1	1.0000	1.0000	1.0000	0.4410	0.0049	0.5759	1.0000	1.0000	1.0000
2	1.0000	1.0000	1.0000	0.9775	0.1470	0.9980	0.9739	1.0000	1.0000
3	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.5291	1.0000	0.6742	1.0000	1.0000
4	1.0000	1.0000	1.0000	0.9300	0.0791	0.9859	0.9952	1.0000	1.0000
5	0.8192	0.9998	1.0000	0.0222	0.0001	0.0238	1.0000	0.9821	1.0000
6	0.1639	0.8005	0.8717	0.0009	0.0001	0.0007	1.0000	0.4442	0.9333
7	0.9223	1.0000	1.0000	0.0408	0.0001	0.0471	1.0000	0.9967	1.0000
8	1.0000	1.0000	1.0000	0.5843	0.0103	0.7349	1.0000	1.0000	1.0000
9	1.0000	0.9984	0.9948	1.0000	0.9541	1.0000	0.1871	1.0000	0.9999
10	1.0000	1.0000	1.0000	0.3343	0.0026	0.4433	1.0000	1.0000	1.0000
11	1.0000	1.0000	1.0000	0.8133	0.0341	0.9278	0.9997	1.0000	1.0000
12	1.0000	1.0000	1.0000	0.8827	0.0535	0.9666	0.9987	1.0000	1.0000
13	0.9925	0.5598	0.4614	1.0000	1.0000	1.0000	0.0059	0.8827	0.8447
14	0.9999	1.0000	1.0000	0.2536	0.0015	0.3369	1.0000	1.0000	1.0000
15	1.0000	1.0000	1.0000	0.5264	0.0077	0.6736	1.0000	1.0000	1.0000
16	0.0124	0.2050	0.2722	0.0001	0.0001	0.0001	0.9989	0.0572	0.4410
17	0.9999	1.0000	1.0000	0.2767	0.0017	0.3678	1.0000	1.0000	1.0000
18	1.0000	1.0000	1.0000	0.3073	0.0022	0.4083	1.0000	1.0000	1.0000
19	.	1.0000	1.0000	0.9979	0.3176	1.0000	0.8638	1.0000	1.0000
20	1.0000	.	1.0000	0.7528	0.0243	0.8856	0.9999	1.0000	1.0000
21	1.0000	1.0000	.	0.6715	0.0159	0.8184	1.0000	1.0000	1.0000
22	0.9979	0.7528	0.6715	.	1.0000	1.0000	0.0280	0.9538	0.8973
23	0.3176	0.0243	0.0159	1.0000	.	0.9998	0.0001	0.1023	0.1250
24	1.0000	0.8856	0.8184	1.0000	0.9998	.	0.0309	0.9930	0.9816
25	0.8638	0.9999	1.0000	0.0280	0.0001	0.0309	.	0.9899	1.0000
26	1.0000	1.0000	1.0000	0.9538	0.1023	0.9930	0.9899	.	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	0.8973	0.1250	0.9816	1.0000	1.0000	.
28	0.9921	0.5543	0.4561	1.0000	1.0000	1.0000	0.0058	0.8794	0.8413
29	1.0000	0.9001	0.8375	1.0000	0.9997	1.0000	0.0343	0.9947	0.9850
30	1.0000	1.0000	1.0000	0.9605	0.1117	0.9947	0.9872	1.0000	1.0000
31	0.9941	1.0000	1.0000	0.1156	0.0003	0.1477	1.0000	1.0000	1.0000
32	1.0000	0.9999	0.9996	1.0000	0.8523	1.0000	0.3318	1.0000	1.0000
33	0.8186	0.1763	0.1280	1.0000	1.0000	1.0000	0.0006	0.4682	0.4642
34	1.0000	1.0000	1.0000	0.9871	0.1848	0.9992	0.9554	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	0.9968	0.2866	0.9999	0.8880	1.0000	1.0000
36	0.9374	1.0000	1.0000	0.0461	0.0001	0.0539	1.0000	0.9979	1.0000
37	0.7715	0.9995	0.9999	0.0178	0.0001	0.0186	1.0000	0.9709	1.0000
38	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7623	1.0000	0.4354	1.0000	1.0000
39	1.0000	1.0000	1.0000	0.9935	0.2334	0.9998	0.9258	1.0000	1.0000
40	0.7793	0.9996	0.9999	0.0184	0.0001	0.0193	1.0000	0.9729	1.0000
41	1.0000	1.0000	1.0000	0.5895	0.0106	0.7402	1.0000	1.0000	1.0000
42	1.0000	1.0000	1.0000	0.9984	0.3388	1.0000	0.8466	1.0000	1.0000
43	0.8087	0.1693	0.1226	1.0000	1.0000	1.0000	0.0006	0.4557	0.4532
44	1.0000	1.0000	1.0000	0.9818	0.1613	0.9986	0.9674	1.0000	1.0000
45	0.9999	1.0000	1.0000	0.2724	0.0017	0.3620	1.0000	1.0000	1.0000
46	0.2204	0.8705	0.9242	0.0014	0.0001	0.0011	1.0000	0.5399	0.9626
47	1.0000	1.0000	1.0000	0.4756	0.0059	0.6165	1.0000	1.0000	1.0000
48	1.0000	1.0000	1.0000	0.5038	0.0068	0.6486	1.0000	1.0000	1.0000
49	1.0000	1.0000	1.0000	0.5712	0.0096	0.7213	1.0000	1.0000	1.0000
50	1.0000	1.0000	1.0000	0.8743	0.0503	0.9625	0.9989	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	0.2361	0.6017	1.0000	1.0000	0.9904	0.0494	1.0000	1.0000	1.0000
2	0.9341	0.9985	1.0000	0.9998	1.0000	0.5756	1.0000	1.0000	0.9927

3	0.9995	1.0000	1.0000	0.9568	1.0000	0.9463	1.0000	1.0000	0.8000
4	0.8308	0.9889	1.0000	1.0000	1.0000	0.3997	1.0000	1.0000	0.9992
5	0.0043	0.0265	0.9778	1.0000	0.2816	0.0004	0.9326	0.8478	1.0000
6	0.0001	0.0007	0.4201	1.0000	0.0181	0.0001	0.2873	0.1853	1.0000
7	0.0093	0.0520	0.9956	1.0000	0.4259	0.0010	0.9801	0.9389	1.0000
8	0.3639	0.7577	1.0000	1.0000	0.9985	0.0908	1.0000	1.0000	1.0000
9	1.0000	1.0000	1.0000	0.5380	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.2807
10	0.1572	0.4681	1.0000	1.0000	0.9693	0.0289	1.0000	1.0000	1.0000
11	0.6368	0.9384	1.0000	1.0000	1.0000	0.2259	1.0000	1.0000	1.0000
12	0.7450	0.9726	1.0000	1.0000	1.0000	0.3093	1.0000	1.0000	0.9998
13	1.0000	1.0000	0.8973	0.0372	1.0000	1.0000	0.9609	0.9890	0.0112
14	0.1062	0.3589	1.0000	1.0000	0.9311	0.0176	1.0000	0.9999	1.0000
15	0.3090	0.6982	1.0000	1.0000	0.9966	0.0717	1.0000	1.0000	1.0000
16	0.0001	0.0001	0.0519	0.9372	0.0008	0.0001	0.0280	0.0147	0.9941
17	0.1201	0.3908	1.0000	1.0000	0.9451	0.0205	1.0000	1.0000	1.0000
18	0.1394	0.4324	1.0000	1.0000	0.9596	0.0248	1.0000	1.0000	1.0000
19	0.9921	1.0000	1.0000	0.9941	1.0000	0.8186	1.0000	1.0000	0.9374
20	0.5543	0.9001	1.0000	1.0000	0.9999	0.1763	1.0000	1.0000	1.0000
21	0.4561	0.8375	1.0000	1.0000	0.9996	0.1280	1.0000	1.0000	1.0000
22	1.0000	1.0000	0.9605	0.1156	1.0000	1.0000	0.9871	0.9968	0.0461
23	1.0000	0.9997	0.1117	0.0003	0.8523	1.0000	0.1848	0.2866	0.0001
24	1.0000	1.0000	0.9947	0.1477	1.0000	1.0000	0.9992	0.9999	0.0539
25	0.0058	0.0343	0.9872	1.0000	0.3318	0.0006	0.9554	0.8880	1.0000
26	0.8794	0.9947	1.0000	1.0000	1.0000	0.4682	1.0000	1.0000	0.9979
27	0.8413	0.9850	1.0000	1.0000	1.0000	0.4642	1.0000	1.0000	1.0000
28	.	1.0000	0.8942	0.0364	1.0000	1.0000	0.9593	0.9884	0.0109
29	1.0000	.	0.9960	0.1605	1.0000	1.0000	0.9995	1.0000	0.0595
30	0.8942	0.9960	.	1.0000	1.0000	0.4932	1.0000	1.0000	0.9971
31	0.0364	0.1605	1.0000	.	0.7377	0.0049	0.9995	0.9962	1.0000
32	1.0000	1.0000	1.0000	0.7377	.	0.9981	1.0000	1.0000	0.4596
33	1.0000	1.0000	0.4932	0.0049	0.9981	.	0.6477	0.7875	0.0012
34	0.9593	0.9995	1.0000	0.9995	1.0000	0.6477	.	1.0000	0.9854
35	0.9884	1.0000	1.0000	0.9962	1.0000	0.7875	1.0000	.	0.9516
36	0.0109	0.0595	0.9971	1.0000	0.4596	0.0012	0.9854	0.9516	.
37	0.0033	0.0207	0.9647	1.0000	0.2391	0.0003	0.9049	0.8038	1.0000
38	1.0000	1.0000	1.0000	0.8326	1.0000	0.9928	1.0000	1.0000	0.5743
39	0.9778	0.9998	1.0000	0.9984	1.0000	0.7228	1.0000	1.0000	0.9718
40	0.0034	0.0215	0.9671	1.0000	0.2455	0.0003	0.9097	0.8111	1.0000
41	0.3691	0.7629	1.0000	1.0000	0.9986	0.0927	1.0000	1.0000	1.0000
42	0.9939	1.0000	1.0000	0.9923	1.0000	0.8375	1.0000	1.0000	0.9267
43	1.0000	1.0000	0.4805	0.0046	0.9977	1.0000	0.6350	0.7767	0.0012
44	0.9452	0.9990	1.0000	0.9997	1.0000	0.6046	1.0000	1.0000	0.9903
45	0.1175	0.3849	1.0000	1.0000	0.9427	0.0200	1.0000	1.0000	1.0000
46	0.0001	0.0012	0.5145	1.0000	0.0272	0.0001	0.3677	0.2467	1.0000
47	0.2645	0.6420	1.0000	1.0000	0.9936	0.0577	1.0000	1.0000	1.0000
48	0.2888	0.6736	1.0000	1.0000	0.9955	0.0651	1.0000	1.0000	1.0000
49	0.3510	0.7447	1.0000	1.0000	0.9982	0.0861	1.0000	1.0000	1.0000
50	0.7309	0.9690	1.0000	1.0000	1.0000	0.2969	1.0000	1.0000	0.9999

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	37	38	39	40	41	42	43	44	45
1	1.0000	0.9973	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0470	1.0000	1.0000
2	0.9379	1.0000	1.0000	0.9415	1.0000	1.0000	0.5627	1.0000	1.0000
3	0.5531	1.0000	1.0000	0.5624	1.0000	1.0000	0.9416	1.0000	0.9978
4	0.9840	1.0000	1.0000	0.9853	1.0000	1.0000	0.3880	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.3773	0.8943	1.0000	1.0000	0.7993	0.0004	0.9490	1.0000
6	1.0000	0.0294	0.2309	1.0000	0.9226	0.1511	0.0001	0.3218	0.9974
7	1.0000	0.5389	0.9631	1.0000	1.0000	0.9101	0.0010	0.9864	1.0000
8	1.0000	0.9997	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0867	1.0000	1.0000
9	0.1266	1.0000	1.0000	0.1305	0.9866	1.0000	0.9999	1.0000	0.8288
10	1.0000	0.9885	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0274	1.0000	1.0000
11	0.9985	1.0000	1.0000	0.9987	1.0000	1.0000	0.2175	1.0000	1.0000
12	0.9942	1.0000	1.0000	0.9948	1.0000	1.0000	0.2991	1.0000	1.0000
13	0.0033	1.0000	0.9787	0.0035	0.3740	0.9943	1.0000	0.9472	0.1196
14	1.0000	0.9688	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	0.0167	1.0000	1.0000
15	1.0000	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0683	1.0000	1.0000
16	0.9998	0.0014	0.0202	0.9998	0.3473	0.0110	0.0001	0.0334	0.7247

17	1.0000	0.9764	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0195	1.0000	1.0000
18	1.0000	0.9839	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0235	1.0000	1.0000
19	0.7715	1.0000	1.0000	0.7793	1.0000	1.0000	0.8087	1.0000	0.9999
20	0.9995	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	0.1693	1.0000	1.0000
21	0.9999	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.1226	1.0000	1.0000
22	0.0178	1.0000	0.9935	0.0184	0.5895	0.9984	1.0000	0.9818	0.2724
23	0.0001	0.7623	0.2334	0.0001	0.0106	0.3388	1.0000	0.1613	0.0017
24	0.0186	1.0000	0.9998	0.0193	0.7402	1.0000	1.0000	0.9986	0.3620
25	1.0000	0.4354	0.9258	1.0000	1.0000	0.8466	0.0006	0.9674	1.0000
26	0.9709	1.0000	1.0000	0.9729	1.0000	1.0000	0.4557	1.0000	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.4532	1.0000	1.0000
28	0.0033	1.0000	0.9778	0.0034	0.3691	0.9939	1.0000	0.9452	0.1175
29	0.0207	1.0000	0.9998	0.0215	0.7629	1.0000	1.0000	0.9990	0.3849
30	0.9647	1.0000	1.0000	0.9671	1.0000	1.0000	0.4805	1.0000	1.0000
31	1.0000	0.8326	0.9984	1.0000	1.0000	0.9923	0.0046	0.9997	1.0000
32	0.2391	1.0000	1.0000	0.2455	0.9986	1.0000	0.9977	1.0000	0.9427
33	0.0003	0.9928	0.7228	0.0003	0.0927	0.8375	1.0000	0.6046	0.0200
34	0.9049	1.0000	1.0000	0.9097	1.0000	1.0000	0.6350	1.0000	1.0000
35	0.8038	1.0000	1.0000	0.8111	1.0000	1.0000	0.7767	1.0000	1.0000
36	1.0000	0.5743	0.9718	1.0000	1.0000	0.9267	0.0012	0.9903	1.0000
37	.	0.3264	0.8580	1.0000	1.0000	0.7493	0.0003	0.9259	1.0000
38	0.3264	.	1.0000	0.3341	0.9997	1.0000	0.9918	1.0000	0.9752
39	0.8580	1.0000	.	0.8641	1.0000	1.0000	0.7109	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.3341	0.8641	.	1.0000	0.7575	0.0003	0.9299	1.0000
41	1.0000	0.9997	1.0000	1.0000	.	1.0000	0.0886	1.0000	1.0000
42	0.7493	1.0000	1.0000	0.7575	1.0000	.	0.8281	1.0000	0.9999
43	0.0003	0.9918	0.7109	0.0003	0.0886	0.8281	.	0.5917	0.0189
44	0.9259	1.0000	1.0000	0.9299	1.0000	1.0000	0.5917	.	1.0000
45	1.0000	0.9752	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0189	1.0000	.
46	1.0000	0.0434	0.3017	1.0000	0.9588	0.2044	0.0001	0.4069	0.9993
47	1.0000	0.9983	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0549	1.0000	1.0000
48	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0621	1.0000	1.0000
49	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0822	1.0000	1.0000
50	0.9951	1.0000	1.0000	0.9956	1.0000	1.0000	0.2869	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	46	47	48	49	50
1	0.9900	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
2	0.4340	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
3	0.1062	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
4	0.6124	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
5	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9975
6	1.0000	0.9675	0.9587	0.9317	0.6355
7	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998
8	0.9605	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
9	0.0113	0.9615	0.9698	0.9839	0.9999
10	0.9977	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
11	0.8122	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
12	0.7140	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
13	0.0002	0.2685	0.2930	0.3558	0.7359
14	0.9995	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
15	0.9760	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
16	1.0000	0.4662	0.4351	0.3653	0.1148
17	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
18	0.9986	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
19	0.2204	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
20	0.8705	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
21	0.9242	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
22	0.0014	0.4756	0.5038	0.5712	0.8743
23	0.0001	0.0059	0.0068	0.0096	0.0503
24	0.0011	0.6165	0.6486	0.7213	0.9625
25	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9989
26	0.5399	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
27	0.9626	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
28	0.0001	0.2645	0.2888	0.3510	0.7309
29	0.0012	0.6420	0.6736	0.7447	0.9690
30	0.5145	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

31	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
32	0.0272	0.9936	0.9955	0.9982	1.0000
33	0.0001	0.0577	0.0651	0.0861	0.2969
34	0.3677	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
35	0.2467	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
36	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999
37	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9951
38	0.0434	0.9983	0.9989	0.9996	1.0000
39	0.3017	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
40	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9956
41	0.9588	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
42	0.2044	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
43	0.0001	0.0549	0.0621	0.0822	0.2869
44	0.4069	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
45	0.9993	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
46	.	0.9854	0.9806	0.9646	0.7284
47	0.9854	.	1.0000	1.0000	1.0000
48	0.9806	1.0000	.	1.0000	1.0000
49	0.9646	1.0000	1.0000	.	1.0000
50	0.7284	1.0000	1.0000	1.0000	.

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J Effect Sliced by I for ARE_LES

I	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
FIG	9	1.558800	0.173200	4.1708	0.0002
GUA	9	2.080729	0.231192	5.5672	0.0001
M/D	9	2.605307	0.289479	6.9708	0.0001
NPO	9	2.522544	0.280283	6.7494	0.0001
XAN	9	1.910839	0.212315	5.1127	0.0001

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

I	J	ARE_LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	1	0.79404180	1
FIG	11	0.97369586	2
FIG	2	1.07845858	3
FIG	3	0.93535918	4
FIG	4	0.57589442	5
FIG	64	0.41212613	6
FIG	7	0.61170630	7
FIG	8	0.82891173	8
FIG	86	1.19799749	9
FIG	9	0.76552073	10
GUA	1	0.88875376	11
GUA	11	0.91306938	12
GUA	2	1.38492610	13
GUA	3	0.74047875	14
GUA	4	0.81501145	15
GUA	64	0.26890435	16
GUA	7	0.74808773	17
GUA	8	0.75760777	18
GUA	86	1.02988993	19
GUA	9	0.87121512	20
M/D	1	0.85010768	21
M/D	11	1.40451274	22
M/D	2	1.59868805	23
M/D	3	1.30433624	24
M/D	4	0.58927329	25
M/D	64	0.95073970	26
M/D	7	0.87938680	27
M/D	8	1.38608427	28
M/D	86	1.29886561	29
M/D	9	0.95615230	30

NPO	1	0.67965913	31
NPO	11	1.15441756	32
NPO	2	1.48405624	33
NPO	3	0.98908119	34
NPO	4	1.02154630	35
NPO	64	0.61921643	36
NPO	7	0.56332241	37
NPO	8	1.12985138	38
NPO	86	1.00581673	39
NPO	9	0.56529913	40
XAN	1	0.83016700	41
XAN	11	1.03531124	42
XAN	2	1.48679935	43
XAN	3	0.97984646	44
XAN	4	0.74669996	45
XAN	64	0.43281097	46
XAN	7	0.80265827	47
XAN	8	0.80954922	48
XAN	86	0.82575734	49
XAN	9	0.90974005	50

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.9763	1.0000	1.0000	0.9490
2	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.9582	0.3460	0.9897	1.0000	1.0000
3	0.9999	1.0000	.	1.0000	0.6123	0.0751	0.7707	1.0000	1.0000
4	1.0000	1.0000	1.0000	.	0.9908	0.5150	0.9987	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.9582	0.6123	0.9908	.	1.0000	1.0000	1.0000	0.1536
6	0.9763	0.3460	0.0751	0.5150	1.0000	.	1.0000	0.9253	0.0073
7	1.0000	0.9897	0.7707	0.9987	1.0000	1.0000	.	1.0000	0.2548
8	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9253	1.0000	.	0.9859
9	0.9490	1.0000	1.0000	1.0000	0.1536	0.0073	0.2548	0.9859	.
10	1.0000	1.0000	0.9993	1.0000	1.0000	0.9931	1.0000	1.0000	0.8874
11	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9993	0.7297	1.0000	1.0000	0.9995
12	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9970	0.6199	0.9997	1.0000	0.9999
13	0.2398	0.9363	0.9996	0.8348	0.0044	0.0001	0.0096	0.3687	1.0000
14	1.0000	1.0000	0.9969	1.0000	1.0000	0.9982	1.0000	1.0000	0.8064
15	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9507	1.0000	1.0000	0.9753
16	0.5061	0.0376	0.0044	0.0749	0.9996	1.0000	0.9960	0.3523	0.0003
17	1.0000	1.0000	0.9980	1.0000	1.0000	0.9972	1.0000	1.0000	0.8336
18	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	0.9954	1.0000	1.0000	0.8645
19	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8192	0.1639	0.9223	1.0000	1.0000
20	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	0.8005	1.0000	1.0000	0.9984
21	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8717	1.0000	1.0000	0.9948
22	0.4410	0.9775	0.9999	0.9300	0.0222	0.0009	0.0408	0.5843	1.0000
23	0.0049	0.1470	0.5291	0.0791	0.0001	0.0001	0.0001	0.0103	0.9541
24	0.5759	0.9980	1.0000	0.9859	0.0238	0.0007	0.0471	0.7349	1.0000
25	1.0000	0.9739	0.6742	0.9952	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1871
26	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9821	0.4442	0.9967	1.0000	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9333	1.0000	1.0000	0.9999
28	0.2361	0.9341	0.9995	0.8308	0.0043	0.0001	0.0093	0.3639	1.0000
29	0.6017	0.9985	1.0000	0.9889	0.0265	0.0007	0.0520	0.7577	1.0000
30	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9778	0.4201	0.9956	1.0000	1.0000
31	1.0000	0.9998	0.9568	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.5380
32	0.9904	1.0000	1.0000	1.0000	0.2816	0.0181	0.4259	0.9985	1.0000
33	0.0494	0.5756	0.9463	0.3997	0.0004	0.0001	0.0010	0.0908	0.9999
34	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9326	0.2873	0.9801	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8478	0.1853	0.9389	1.0000	1.0000
36	1.0000	0.9927	0.8000	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.2807
37	1.0000	0.9379	0.5531	0.9840	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1266
38	0.9973	1.0000	1.0000	1.0000	0.3773	0.0294	0.5389	0.9997	1.0000
39	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8943	0.2309	0.9631	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.9415	0.5624	0.9853	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1305
41	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9226	1.0000	1.0000	0.9866
42	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7993	0.1511	0.9101	1.0000	1.0000
43	0.0470	0.5627	0.9416	0.3880	0.0004	0.0001	0.0010	0.0867	0.9999
44	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9490	0.3218	0.9864	1.0000	1.0000

45	1.0000	1.0000	0.9978	1.0000	1.0000	0.9974	1.0000	1.0000	0.8288
46	0.9900	0.4340	0.1062	0.6124	1.0000	1.0000	1.0000	0.9605	0.0113
47	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9675	1.0000	1.0000	0.9615
48	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9587	1.0000	1.0000	0.9698
49	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9317	1.0000	1.0000	0.9839
50	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9975	0.6355	0.9998	1.0000	0.9999

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	1.0000	1.0000	1.0000	0.2398	1.0000	1.0000	0.5061	1.0000	1.0000
2	1.0000	1.0000	1.0000	0.9363	1.0000	1.0000	0.0376	1.0000	1.0000
3	0.9993	1.0000	1.0000	0.9996	0.9969	1.0000	0.0044	0.9980	0.9989
4	1.0000	1.0000	1.0000	0.8348	1.0000	1.0000	0.0749	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.9993	0.9970	0.0044	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000
6	0.9931	0.7297	0.6199	0.0001	0.9982	0.9507	1.0000	0.9972	0.9954
7	1.0000	1.0000	0.9997	0.0096	1.0000	1.0000	0.9960	1.0000	1.0000
8	1.0000	1.0000	1.0000	0.3687	1.0000	1.0000	0.3523	1.0000	1.0000
9	0.8874	0.9995	0.9999	1.0000	0.8064	0.9753	0.0003	0.8336	0.8645
10	.	1.0000	1.0000	0.1600	1.0000	1.0000	0.6401	1.0000	1.0000
11	1.0000	.	1.0000	0.6422	1.0000	1.0000	0.1589	1.0000	1.0000
12	1.0000	1.0000	.	0.7499	1.0000	1.0000	0.1088	1.0000	1.0000
13	0.1600	0.6422	0.7499	.	0.1083	0.3134	0.0001	0.1223	0.1419
14	1.0000	1.0000	1.0000	0.1083	.	1.0000	0.7511	1.0000	1.0000
15	1.0000	1.0000	1.0000	0.3134	1.0000	.	0.4110	1.0000	1.0000
16	0.6401	0.1589	0.1088	0.0001	0.7511	0.4110	.	0.7187	0.6764
17	1.0000	1.0000	1.0000	0.1223	1.0000	1.0000	0.7187	.	1.0000
18	1.0000	1.0000	1.0000	0.1419	1.0000	1.0000	0.6764	1.0000	.
19	1.0000	1.0000	1.0000	0.9925	0.9999	1.0000	0.0124	0.9999	1.0000
20	1.0000	1.0000	1.0000	0.5598	1.0000	1.0000	0.2050	1.0000	1.0000
21	1.0000	1.0000	1.0000	0.4614	1.0000	1.0000	0.2722	1.0000	1.0000
22	0.3343	0.8133	0.8827	1.0000	0.2536	0.5264	0.0001	0.2767	0.3073
23	0.0026	0.0341	0.0535	1.0000	0.0015	0.0077	0.0001	0.0017	0.0022
24	0.4433	0.9278	0.9666	1.0000	0.3369	0.6736	0.0001	0.3678	0.4083
25	1.0000	0.9997	0.9987	0.0059	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000
26	1.0000	1.0000	1.0000	0.8827	1.0000	1.0000	0.0572	1.0000	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	0.8447	1.0000	1.0000	0.4410	1.0000	1.0000
28	0.1572	0.6368	0.7450	1.0000	0.1062	0.3090	0.0001	0.1201	0.1394
29	0.4681	0.9384	0.9726	1.0000	0.3589	0.6982	0.0001	0.3908	0.4324
30	1.0000	1.0000	1.0000	0.8973	1.0000	1.0000	0.0519	1.0000	1.0000
31	1.0000	1.0000	1.0000	0.0372	1.0000	1.0000	0.9372	1.0000	1.0000
32	0.9693	1.0000	1.0000	1.0000	0.9311	0.9966	0.0008	0.9451	0.9596
33	0.0289	0.2259	0.3093	1.0000	0.0176	0.0717	0.0001	0.0205	0.0248
34	1.0000	1.0000	1.0000	0.9609	1.0000	1.0000	0.0280	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	0.9890	0.9999	1.0000	0.0147	1.0000	1.0000
36	1.0000	1.0000	0.9998	0.0112	1.0000	1.0000	0.9941	1.0000	1.0000
37	1.0000	0.9985	0.9942	0.0033	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000
38	0.9885	1.0000	1.0000	1.0000	0.9688	0.9992	0.0014	0.9764	0.9839
39	1.0000	1.0000	1.0000	0.9787	1.0000	1.0000	0.0202	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.9987	0.9948	0.0035	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000
41	1.0000	1.0000	1.0000	0.3740	1.0000	1.0000	0.3473	1.0000	1.0000
42	1.0000	1.0000	1.0000	0.9943	0.9998	1.0000	0.0110	0.9999	1.0000
43	0.0274	0.2175	0.2991	1.0000	0.0167	0.0683	0.0001	0.0195	0.0235
44	1.0000	1.0000	1.0000	0.9472	1.0000	1.0000	0.0334	1.0000	1.0000
45	1.0000	1.0000	1.0000	0.1196	1.0000	1.0000	0.7247	1.0000	1.0000
46	0.9977	0.8122	0.7140	0.0002	0.9995	0.9760	1.0000	0.9992	0.9986
47	1.0000	1.0000	1.0000	0.2685	1.0000	1.0000	0.4662	1.0000	1.0000
48	1.0000	1.0000	1.0000	0.2930	1.0000	1.0000	0.4351	1.0000	1.0000
49	1.0000	1.0000	1.0000	0.3558	1.0000	1.0000	0.3653	1.0000	1.0000
50	1.0000	1.0000	1.0000	0.7359	1.0000	1.0000	0.1148	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J

Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1	1.0000	1.0000	1.0000	0.4410	0.0049	0.5759	1.0000	1.0000	1.0000
2	1.0000	1.0000	1.0000	0.9775	0.1470	0.9980	0.9739	1.0000	1.0000
3	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.5291	1.0000	0.6742	1.0000	1.0000
4	1.0000	1.0000	1.0000	0.9300	0.0791	0.9859	0.9952	1.0000	1.0000
5	0.8192	0.9998	1.0000	0.0222	0.0001	0.0238	1.0000	0.9821	1.0000
6	0.1639	0.8005	0.8717	0.0009	0.0001	0.0007	1.0000	0.4442	0.9333
7	0.9223	1.0000	1.0000	0.0408	0.0001	0.0471	1.0000	0.9967	1.0000
8	1.0000	1.0000	1.0000	0.5843	0.0103	0.7349	1.0000	1.0000	1.0000
9	1.0000	0.9984	0.9948	1.0000	0.9541	1.0000	0.1871	1.0000	0.9999
10	1.0000	1.0000	1.0000	0.3343	0.0026	0.4433	1.0000	1.0000	1.0000
11	1.0000	1.0000	1.0000	0.8133	0.0341	0.9278	0.9997	1.0000	1.0000
12	1.0000	1.0000	1.0000	0.8827	0.0535	0.9666	0.9987	1.0000	1.0000
13	0.9925	0.5598	0.4614	1.0000	1.0000	1.0000	0.0059	0.8827	0.8447
14	0.9999	1.0000	1.0000	0.2536	0.0015	0.3369	1.0000	1.0000	1.0000
15	1.0000	1.0000	1.0000	0.5264	0.0077	0.6736	1.0000	1.0000	1.0000
16	0.0124	0.2050	0.2722	0.0001	0.0001	0.0001	0.9989	0.0572	0.4410
17	0.9999	1.0000	1.0000	0.2767	0.0017	0.3678	1.0000	1.0000	1.0000
18	1.0000	1.0000	1.0000	0.3073	0.0022	0.4083	1.0000	1.0000	1.0000
19	.	1.0000	1.0000	0.9979	0.3176	1.0000	0.8638	1.0000	1.0000
20	1.0000	.	1.0000	0.7528	0.0243	0.8856	0.9999	1.0000	1.0000
21	1.0000	1.0000	.	0.6715	0.0159	0.8184	1.0000	1.0000	1.0000
22	0.9979	0.7528	0.6715	.	1.0000	1.0000	0.0280	0.9538	0.8973
23	0.3176	0.0243	0.0159	1.0000	.	0.9998	0.0001	0.1023	0.1250
24	1.0000	0.8856	0.8184	1.0000	0.9998	.	0.0309	0.9930	0.9816
25	0.8638	0.9999	0.9999	1.0000	0.0280	0.0001	0.0309	0.9899	1.0000
26	1.0000	1.0000	1.0000	0.9538	0.1023	0.9930	0.9899	.	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	0.8973	0.1250	0.9816	1.0000	1.0000	.
28	0.9921	0.5543	0.4561	1.0000	1.0000	1.0000	0.0058	0.8794	0.8413
29	1.0000	0.9001	0.8375	1.0000	0.9997	1.0000	0.0343	0.9947	0.9850
30	1.0000	1.0000	1.0000	0.9605	0.1117	0.9947	0.9872	1.0000	1.0000
31	0.9941	1.0000	1.0000	0.1156	0.0003	0.1477	1.0000	1.0000	1.0000
32	1.0000	0.9999	0.9996	1.0000	0.8523	1.0000	0.3318	1.0000	1.0000
33	0.8186	0.1763	0.1280	1.0000	1.0000	1.0000	0.0006	0.4682	0.4642
34	1.0000	1.0000	1.0000	0.9871	0.1848	0.9992	0.9554	1.0000	1.0000
35	1.0000	1.0000	1.0000	0.9968	0.2866	0.9999	0.8880	1.0000	1.0000
36	0.9374	1.0000	1.0000	0.0461	0.0001	0.0539	1.0000	0.9979	1.0000
37	0.7715	0.9995	0.9999	0.0178	0.0001	0.0186	1.0000	0.9709	1.0000
38	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7623	1.0000	0.4354	1.0000	1.0000
39	1.0000	1.0000	1.0000	0.9935	0.2334	0.9998	0.9258	1.0000	1.0000
40	0.7793	0.9996	0.9999	0.0184	0.0001	0.0193	1.0000	0.9729	1.0000
41	1.0000	1.0000	1.0000	0.5895	0.0106	0.7402	1.0000	1.0000	1.0000
42	1.0000	1.0000	1.0000	0.9984	0.3388	1.0000	0.8466	1.0000	1.0000
43	0.8087	0.1693	0.1226	1.0000	1.0000	1.0000	0.0006	0.4557	0.4532
44	1.0000	1.0000	1.0000	0.9818	0.1613	0.9986	0.9674	1.0000	1.0000
45	0.9999	1.0000	1.0000	0.2724	0.0017	0.3620	1.0000	1.0000	1.0000
46	0.2204	0.8705	0.9242	0.0014	0.0001	0.0011	1.0000	0.5399	0.9626
47	1.0000	1.0000	1.0000	0.4756	0.0059	0.6165	1.0000	1.0000	1.0000
48	1.0000	1.0000	1.0000	0.5038	0.0068	0.6486	1.0000	1.0000	1.0000
49	1.0000	1.0000	1.0000	0.5712	0.0096	0.7213	1.0000	1.0000	1.0000
50	1.0000	1.0000	1.0000	0.8743	0.0503	0.9625	0.9989	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	0.2361	0.6017	1.0000	1.0000	0.9904	0.0494	1.0000	1.0000	1.0000
2	0.9341	0.9985	1.0000	0.9998	1.0000	0.5756	1.0000	1.0000	0.9927
3	0.9995	1.0000	1.0000	0.9568	1.0000	0.9463	1.0000	1.0000	0.8000
4	0.8308	0.9889	1.0000	1.0000	1.0000	0.3997	1.0000	1.0000	0.9992
5	0.0043	0.0265	0.9778	1.0000	0.2816	0.0004	0.9326	0.8478	1.0000
6	0.0001	0.0007	0.4201	1.0000	0.0181	0.0001	0.2873	0.1853	1.0000
7	0.0093	0.0520	0.9956	1.0000	0.4259	0.0010	0.9801	0.9389	1.0000
8	0.3639	0.7577	1.0000	1.0000	0.9985	0.0908	1.0000	1.0000	1.0000
9	1.0000	1.0000	1.0000	0.5380	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.2807

10	0.1572	0.4681	1.0000	1.0000	0.9693	0.0289	1.0000	1.0000	1.0000
11	0.6368	0.9384	1.0000	1.0000	1.0000	0.2259	1.0000	1.0000	1.0000
12	0.7450	0.9726	1.0000	1.0000	1.0000	0.3093	1.0000	1.0000	0.9998
13	1.0000	1.0000	0.8973	0.0372	1.0000	1.0000	0.9609	0.9890	0.0112
14	0.1062	0.3589	1.0000	1.0000	0.9311	0.0176	1.0000	0.9999	1.0000
15	0.3090	0.6982	1.0000	1.0000	0.9966	0.0717	1.0000	1.0000	1.0000
16	0.0001	0.0001	0.0519	0.9372	0.0008	0.0001	0.0280	0.0147	0.9941
17	0.1201	0.3908	1.0000	1.0000	0.9451	0.0205	1.0000	1.0000	1.0000
18	0.1394	0.4324	1.0000	1.0000	0.9596	0.0248	1.0000	1.0000	1.0000
19	0.9921	1.0000	1.0000	0.9941	1.0000	0.8186	1.0000	1.0000	0.9374
20	0.5543	0.9001	1.0000	1.0000	0.9999	0.1763	1.0000	1.0000	1.0000
21	0.4561	0.8375	1.0000	1.0000	0.9996	0.1280	1.0000	1.0000	1.0000
22	1.0000	1.0000	0.9605	0.1156	1.0000	1.0000	0.9871	0.9968	0.0461
23	1.0000	0.9997	0.1117	0.0003	0.8523	1.0000	0.1848	0.2866	0.0001
24	1.0000	1.0000	0.9947	0.1477	1.0000	1.0000	0.9992	0.9999	0.0539
25	0.0058	0.0343	0.9872	1.0000	0.3318	0.0006	0.9554	0.8880	1.0000
26	0.8794	0.9947	1.0000	1.0000	1.0000	0.4682	1.0000	1.0000	0.9979
27	0.8413	0.9850	1.0000	1.0000	1.0000	0.4642	1.0000	1.0000	1.0000
28	.	1.0000	0.8942	0.0364	1.0000	1.0000	0.9593	0.9884	0.0109
29	1.0000	.	0.9960	0.1605	1.0000	1.0000	0.9995	1.0000	0.0595
30	0.8942	0.9960	.	1.0000	1.0000	0.4932	1.0000	1.0000	0.9971
31	0.0364	0.1605	1.0000	.	0.7377	0.0049	0.9995	0.9962	1.0000
32	1.0000	1.0000	1.0000	0.7377	.	0.9981	1.0000	1.0000	0.4596
33	1.0000	1.0000	0.4932	0.0049	0.9981	.	0.6477	0.7875	0.0012
34	0.9593	0.9995	1.0000	0.9995	1.0000	0.6477	.	1.0000	0.9854
35	0.9884	1.0000	1.0000	0.9962	1.0000	0.7875	1.0000	.	0.9516
36	0.0109	0.0595	0.9971	1.0000	0.4596	0.0012	0.9854	0.9516	.
37	0.0033	0.0207	0.9647	1.0000	0.2391	0.0003	0.9049	0.8038	1.0000
38	1.0000	1.0000	1.0000	0.8326	1.0000	0.9928	1.0000	1.0000	0.5743
39	0.9778	0.9998	1.0000	0.9984	1.0000	0.7228	1.0000	1.0000	0.9718
40	0.0034	0.0215	0.9671	1.0000	0.2455	0.0003	0.9097	0.8111	1.0000
41	0.3691	0.7629	1.0000	1.0000	0.9986	0.0927	1.0000	1.0000	1.0000
42	0.9939	1.0000	1.0000	0.9923	1.0000	0.8375	1.0000	1.0000	0.9267
43	1.0000	1.0000	0.4805	0.0046	0.9977	1.0000	0.6350	0.7767	0.0012
44	0.9452	0.9990	1.0000	0.9997	1.0000	0.6046	1.0000	1.0000	0.9903
45	0.1175	0.3849	1.0000	1.0000	0.9427	0.0200	1.0000	1.0000	1.0000
46	0.0001	0.0012	0.5145	1.0000	0.0272	0.0001	0.3677	0.2467	1.0000
47	0.2645	0.6420	1.0000	1.0000	0.9936	0.0577	1.0000	1.0000	1.0000
48	0.2888	0.6736	1.0000	1.0000	0.9955	0.0651	1.0000	1.0000	1.0000
49	0.3510	0.7447	1.0000	1.0000	0.9982	0.0861	1.0000	1.0000	1.0000
50	0.7309	0.9690	1.0000	1.0000	1.0000	0.2969	1.0000	1.0000	0.9999

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	37	38	39	40	41	42	43	44	45
1	1.0000	0.9973	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0470	1.0000	1.0000
2	0.9379	1.0000	1.0000	0.9415	1.0000	1.0000	0.5627	1.0000	1.0000
3	0.5531	1.0000	1.0000	0.5624	1.0000	1.0000	0.9416	1.0000	0.9978
4	0.9840	1.0000	1.0000	0.9853	1.0000	1.0000	0.3880	1.0000	1.0000
5	1.0000	0.3773	0.8943	1.0000	1.0000	0.7993	0.0004	0.9490	1.0000
6	1.0000	0.0294	0.2309	1.0000	0.9226	0.1511	0.0001	0.3218	0.9974
7	1.0000	0.5389	0.9631	1.0000	1.0000	0.9101	0.0010	0.9864	1.0000
8	1.0000	0.9997	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0867	1.0000	1.0000
9	0.1266	1.0000	1.0000	0.1305	0.9866	1.0000	0.9999	1.0000	0.8288
10	1.0000	0.9885	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0274	1.0000	1.0000
11	0.9985	1.0000	1.0000	0.9987	1.0000	1.0000	0.2175	1.0000	1.0000
12	0.9942	1.0000	1.0000	0.9948	1.0000	1.0000	0.2991	1.0000	1.0000
13	0.0033	1.0000	0.9787	0.0035	0.3740	0.9943	1.0000	0.9472	0.1196
14	1.0000	0.9688	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	0.0167	1.0000	1.0000
15	1.0000	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0683	1.0000	1.0000
16	0.9998	0.0014	0.0202	0.9998	0.3473	0.0110	0.0001	0.0334	0.7247
17	1.0000	0.9764	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0195	1.0000	1.0000
18	1.0000	0.9839	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0235	1.0000	1.0000
19	0.7715	1.0000	1.0000	0.7793	1.0000	1.0000	0.8087	1.0000	0.9999
20	0.9995	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	0.1693	1.0000	1.0000
21	0.9999	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.1226	1.0000	1.0000
22	0.0178	1.0000	0.9935	0.0184	0.5895	0.9984	1.0000	0.9818	0.2724
23	0.0001	0.7623	0.2334	0.0001	0.0106	0.3388	1.0000	0.1613	0.0017

24	0.0186	1.0000	0.9998	0.0193	0.7402	1.0000	1.0000	0.9986	0.3620
25	1.0000	0.4354	0.9258	1.0000	1.0000	0.8466	0.0006	0.9674	1.0000
26	0.9709	1.0000	1.0000	0.9729	1.0000	1.0000	1.0000	0.4557	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.4532	1.0000	1.0000
28	0.0033	1.0000	0.9778	0.0034	0.3691	0.9939	1.0000	0.9452	0.1175
29	0.0207	1.0000	0.9998	0.0215	0.7629	1.0000	1.0000	0.9990	0.3849
30	0.9647	1.0000	1.0000	0.9671	1.0000	1.0000	0.4805	1.0000	1.0000
31	1.0000	0.8326	0.9984	1.0000	1.0000	0.9923	0.0046	0.9997	1.0000
32	0.2391	1.0000	1.0000	0.2455	0.9986	1.0000	0.9977	1.0000	0.9427
33	0.0003	0.9928	0.7228	0.0003	0.0927	0.8375	1.0000	0.6046	0.0200
34	0.9049	1.0000	1.0000	0.9097	1.0000	1.0000	0.6350	1.0000	1.0000
35	0.8038	1.0000	1.0000	0.8111	1.0000	1.0000	0.7767	1.0000	1.0000
36	1.0000	0.5743	0.9718	1.0000	1.0000	0.9267	0.0012	0.9903	1.0000
37	.	0.3264	0.8580	1.0000	1.0000	0.7493	0.0003	0.9259	1.0000
38	0.3264	.	1.0000	0.3341	0.9997	1.0000	0.9918	1.0000	0.9752
39	0.8580	1.0000	.	0.8641	1.0000	1.0000	0.7109	1.0000	1.0000
40	1.0000	0.3341	0.8641	.	1.0000	0.7575	0.0003	0.9299	1.0000
41	1.0000	0.9997	1.0000	1.0000	.	1.0000	0.0886	1.0000	1.0000
42	0.7493	1.0000	1.0000	0.7575	1.0000	.	0.8281	1.0000	0.9999
43	0.0003	0.9918	0.7109	0.0003	0.0886	0.8281	.	0.5917	0.0189
44	0.9259	1.0000	1.0000	0.9299	1.0000	1.0000	0.5917	.	1.0000
45	1.0000	0.9752	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0189	1.0000	.
46	1.0000	0.0434	0.3017	1.0000	0.9588	0.2044	0.0001	0.4069	0.9993
47	1.0000	0.9983	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0549	1.0000
48	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0621	1.0000	1.0000
49	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0822	1.0000	1.0000
50	0.9951	1.0000	1.0000	0.9956	1.0000	1.0000	0.2869	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey-Kramer

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	46	47	48	49	50
1	0.9900	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
2	0.4340	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
3	0.1062	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
4	0.6124	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
5	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9975
6	1.0000	0.9675	0.9587	0.9317	0.6355
7	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998
8	0.9605	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
9	0.0113	0.9615	0.9698	0.9839	0.9999
10	0.9977	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
11	0.8122	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
12	0.7140	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
13	0.0002	0.2685	0.2930	0.3558	0.7359
14	0.9995	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
15	0.9760	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
16	1.0000	0.4662	0.4351	0.3653	0.1148
17	0.9992	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
18	0.9986	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
19	0.2204	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
20	0.8705	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
21	0.9242	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
22	0.0014	0.4756	0.5038	0.5712	0.8743
23	0.0001	0.0059	0.0068	0.0096	0.0503
24	0.0011	0.6165	0.6486	0.7213	0.9625
25	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9989
26	0.5399	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
27	0.9626	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
28	0.0001	0.2645	0.2888	0.3510	0.7309
29	0.0012	0.6420	0.6736	0.7447	0.9690
30	0.5145	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
31	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
32	0.0272	0.9936	0.9955	0.9982	1.0000
33	0.0001	0.0577	0.0651	0.0861	0.2969
34	0.3677	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
35	0.2467	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
36	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999
37	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9951

38	0.0434	0.9983	0.9989	0.9996	1.0000
39	0.3017	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
40	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9956
41	0.9588	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
42	0.2044	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
43	0.0001	0.0549	0.0621	0.0822	0.2869
44	0.4069	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
45	0.9993	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
46	.	0.9854	0.9806	0.9646	0.7284
47	0.9854	.	1.0000	1.0000	1.0000
48	0.9806	1.0000	.	1.0000	1.0000
49	0.9646	1.0000	1.0000	.	1.0000
50	0.7284	1.0000	1.0000	1.0000	.

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J Effect Sliced by J for ARE_LES

J	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
1	4	0.076351	0.019088	0.4596	0.7651
11	4	0.341467	0.085367	2.0557	0.0935
2	4	0.472427	0.118107	2.8441	0.0287
3	4	0.492473	0.123118	2.9648	0.0239
4	4	0.402360	0.100590	2.4223	0.0541
64	4	0.828792	0.207198	4.9895	0.0011
7	4	0.178703	0.044676	1.0758	0.3734
8	4	0.866011	0.216503	5.2135	0.0008
86	4	0.402395	0.100599	2.4225	0.0541
9	4	0.290546	0.072636	1.7491	0.1464

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I ARE_LES
LSMEAN

FIG 0.81737122
GUA 0.84179443
M/D 1.12181467
NPO 0.92122665
XAN 0.88593398

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

J ARE_LES
LSMEAN

1 0.80854587
11 1.09620136
2 1.40658566
3 0.98982036
4 0.74968508
64 0.53675951
7 0.72103230
8 0.98240087
86 1.07166542
9 0.81358546

Dados para verificação
 General Linear Models Procedure
 Least Squares Means

I	J	ARE_LES LSMEAN
FIG	1	0.79404180
FIG	11	0.97369586
FIG	2	1.07845858
FIG	3	0.93535918
FIG	4	0.57589442
FIG	64	0.41212613
FIG	7	0.61170630
FIG	8	0.82891173
FIG	86	1.19799749
FIG	9	0.76552073
GUA	1	0.88875376
GUA	11	0.91306938
GUA	2	1.38492610
GUA	3	0.74047875
GUA	4	0.81501145
GUA	64	0.26890435
GUA	7	0.74808773
GUA	8	0.75760777
GUA	86	1.02988993
GUA	9	0.87121512
MWD	1	0.85010768
MWD	11	1.40451274
MWD	2	1.59868805
MWD	3	1.30433624
MWD	4	0.58927329
MWD	64	0.95073970
MWD	7	0.87938680
MWD	8	1.38608427
MWD	86	1.29886561
MWD	9	0.95615230
NPO	1	0.67965913
NPO	11	1.15441756
NPO	2	1.48405624
NPO	3	0.98908119
NPO	4	1.02154630
NPO	64	0.61921643
NPO	7	0.56332241
NPO	8	1.12985138
NPO	86	1.00581673
NPO	9	0.56529913
XAN	1	0.83016700
XAN	11	1.03531124
XAN	2	1.48679935
XAN	3	0.97984646
XAN	4	0.74669996
XAN	64	0.43281097
XAN	7	0.80265827
XAN	8	0.80954922
XAN	86	0.82575734
XAN	9	0.90974005

Entrada análise ensaio antracnose foliar

```

options nodate nonumber ps=62 ls=78;
proc format;
  value ISOL  1=' NPO'
             2=' MVD'
             3=' GUA'
             4=' XAN'
             5=' FIG' ;

  value LINHA 1=' 1'
             2=' 2'
             3=' 3'
             4=' 4'
             5=' 7'
             6=' 8'
             7=' 9'
             8=' 11'
             9=' 64'
            10=' 86' ;

  value rep   1=' rep 1'
             2=' rep 2'
             3=' rep 3' ;

run;

data atrfol;
  do i=1 to 5;
    do j=1 to 10;
      do k=1 to 3;
        input are_les@;
        output;
      end;
    end;
  end;

label i=' isolado' j=' linhagem' k=' repeticao' ;
format i isol. j linha. k rep.;
cards;
1. 13      1. 16      1. 03
0. 66      0. 94      0. 66
0. 79      0. 71      0. 91
0. 72      0. 94      1. 04
0. 91      0. 91      0. 67
0. 72      0. 62      0. 80
0. 96      1. 02      0. 93
0. 63      0. 58      0. 53
0. 30      0. 26      0. 32
0. 76      1. 04      1. 15
0. 68      0. 91      0. 65
0. 63      0. 77      0. 54
0. 88      0. 68      0. 77
0. 62      0. 61      0. 51
0. 30      0. 35      0. 31
0. 62      0. 43      0. 41
0. 62      0. 50      0. 50
0. 72      0. 73      0. 87
0. 48      0. 48      0. 26
1. 05      1. 19      1. 18
1. 03      0. 62      0. 53
0. 57      0. 60      0. 52
1. 21      0. 46      0. 47
0. 64      0. 58      0. 52
0. 57      0. 62      0. 37
0. 80      0. 30      0. 22
0. 98      0. 99      0. 43
0. 68      0. 70      0. 59
0. 49      0. 00      0. 18
1. 26      1. 09      1. 40
0. 67      0. 60      0. 65
0. 55      0. 49      0. 67
0. 66      0. 72      0. 81
0. 77      0. 60      0. 54
0. 30      0. 17      0. 37

```

```

0.43      0.00      0.26
0.48      0.00      0.53
0.82      0.59      0.80
0.30      0.20      0.18
1.12      1.08      1.10
0.90      0.61      0.49
0.90      0.65      0.52
1.00      0.73      0.80
0.61      0.53      0.62
0.30      0.43      0.00
0.30      0.00      0.18
0.58      0.47      0.58
0.75      0.67      0.77
0.30      0.12      0.20
1.47      1.18      1.09
;
run;
proc print;
title 'Dados para verificação';
run;

*Title ' Verificação da homogeneidade da variância' ;
* proc means mean var CV;
* by j;
* var are_les;
*Run;

*proc sort;
* by j;
*run;

proc glm;
class i j k;
model are_les = i k(i) j i*j;
test h=i e=k(i);
lsmeans i*j / slice=i adjust=tukey PDIF;
output out=residuos PREDICTED=Pre ditos RESIDUAL=Resi duos student=res_pad;
run;

```

Saída ensaio antracnose foliar

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
1	NP0	1	rep 1	1.13
2	NP0	1	rep 2	1.16
3	NP0	1	rep 3	1.03
4	NP0	2	rep 1	0.66
5	NP0	2	rep 2	0.94
6	NP0	2	rep 3	0.66
7	NP0	3	rep 1	0.79
8	NP0	3	rep 2	0.71
9	NP0	3	rep 3	0.91
10	NP0	4	rep 1	0.72
11	NP0	4	rep 2	0.94
12	NP0	4	rep 3	1.04
13	NP0	7	rep 1	0.91
14	NP0	7	rep 2	0.91
15	NP0	7	rep 3	0.67
16	NP0	8	rep 1	0.72
17	NP0	8	rep 2	0.62
18	NP0	8	rep 3	0.80
19	NP0	9	rep 1	0.96
20	NP0	9	rep 2	1.02
21	NP0	9	rep 3	0.93
22	NP0	11	rep 1	0.63
23	NP0	11	rep 2	0.58
24	NP0	11	rep 3	0.53
25	NP0	64	rep 1	0.30
26	NP0	64	rep 2	0.26
27	NP0	64	rep 3	0.32
28	NP0	86	rep 1	0.76
29	NP0	86	rep 2	1.04
30	NP0	86	rep 3	1.15
31	M/D	1	rep 1	0.68
32	M/D	1	rep 2	0.91

33	M/D	1	rep 3	0.65
34	M/D	2	rep 1	0.63
35	M/D	2	rep 2	0.77
36	M/D	2	rep 3	0.54
37	M/D	3	rep 1	0.88
38	M/D	3	rep 2	0.68
39	M/D	3	rep 3	0.77
40	M/D	4	rep 1	0.62
41	M/D	4	rep 2	0.61
42	M/D	4	rep 3	0.51
43	M/D	7	rep 1	0.30
44	M/D	7	rep 2	0.35
45	M/D	7	rep 3	0.31
46	M/D	8	rep 1	0.62
47	M/D	8	rep 2	0.43
48	M/D	8	rep 3	0.41
49	M/D	9	rep 1	0.62
50	M/D	9	rep 2	0.50
51	M/D	9	rep 3	0.50
52	M/D	11	rep 1	0.72
53	M/D	11	rep 2	0.73
54	M/D	11	rep 3	0.87
55	M/D	64	rep 1	0.48
56	M/D	64	rep 2	0.48
57	M/D	64	rep 3	0.26
58	M/D	86	rep 1	1.05

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
59	M/D	86	rep 2	1.19
60	M/D	86	rep 3	1.18
61	GUA	1	rep 1	1.03
62	GUA	1	rep 2	0.62
63	GUA	1	rep 3	0.53
64	GUA	2	rep 1	0.57
65	GUA	2	rep 2	0.60
66	GUA	2	rep 3	0.52
67	GUA	3	rep 1	1.21
68	GUA	3	rep 2	0.46
69	GUA	3	rep 3	0.47
70	GUA	4	rep 1	0.64
71	GUA	4	rep 2	0.58
72	GUA	4	rep 3	0.52
73	GUA	7	rep 1	0.57
74	GUA	7	rep 2	0.62
75	GUA	7	rep 3	0.37
76	GUA	8	rep 1	0.80
77	GUA	8	rep 2	0.30
78	GUA	8	rep 3	0.22
79	GUA	9	rep 1	0.98
80	GUA	9	rep 2	0.99
81	GUA	9	rep 3	0.43
82	GUA	11	rep 1	0.68
83	GUA	11	rep 2	0.70
84	GUA	11	rep 3	0.59
85	GUA	64	rep 1	0.49
86	GUA	64	rep 2	0.00
87	GUA	64	rep 3	0.18
88	GUA	86	rep 1	1.26
89	GUA	86	rep 2	1.09
90	GUA	86	rep 3	1.40
91	XAN	1	rep 1	0.67
92	XAN	1	rep 2	0.60
93	XAN	1	rep 3	0.65
94	XAN	2	rep 1	0.55
95	XAN	2	rep 2	0.49
96	XAN	2	rep 3	0.67
97	XAN	3	rep 1	0.66
98	XAN	3	rep 2	0.72
99	XAN	3	rep 3	0.81
100	XAN	4	rep 1	0.77
101	XAN	4	rep 2	0.60
102	XAN	4	rep 3	0.54
103	XAN	7	rep 1	0.30
104	XAN	7	rep 2	0.17

105	XAN	7	rep 3	0.37
106	XAN	8	rep 1	0.43
107	XAN	8	rep 2	0.00
108	XAN	8	rep 3	0.26
109	XAN	9	rep 1	0.48
110	XAN	9	rep 2	0.00
111	XAN	9	rep 3	0.53
112	XAN	11	rep 1	0.82
113	XAN	11	rep 2	0.59
114	XAN	11	rep 3	0.80
115	XAN	64	rep 1	0.30
116	XAN	64	rep 2	0.20

Dados para verificação

OBS	I	J	K	ARE_LES
117	XAN	64	rep 3	0.18
118	XAN	86	rep 1	1.12
119	XAN	86	rep 2	1.08
120	XAN	86	rep 3	1.10
121	FIG	1	rep 1	0.90
122	FIG	1	rep 2	0.61
123	FIG	1	rep 3	0.49
124	FIG	2	rep 1	0.90
125	FIG	2	rep 2	0.65
126	FIG	2	rep 3	0.52
127	FIG	3	rep 1	1.00
128	FIG	3	rep 2	0.73
129	FIG	3	rep 3	0.80
130	FIG	4	rep 1	0.61
131	FIG	4	rep 2	0.53
132	FIG	4	rep 3	0.62
133	FIG	7	rep 1	0.30
134	FIG	7	rep 2	0.43
135	FIG	7	rep 3	0.00
136	FIG	8	rep 1	0.30
137	FIG	8	rep 2	0.00
138	FIG	8	rep 3	0.18
139	FIG	9	rep 1	0.58
140	FIG	9	rep 2	0.47
141	FIG	9	rep 3	0.58
142	FIG	11	rep 1	0.75
143	FIG	11	rep 2	0.67
144	FIG	11	rep 3	0.77
145	FIG	64	rep 1	0.30
146	FIG	64	rep 2	0.12
147	FIG	64	rep 3	0.20
148	FIG	86	rep 1	1.47
149	FIG	86	rep 2	1.18
150	FIG	86	rep 3	1.09

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Class Level Information

Class	Levels	Values
I	5	FIG GUA MWD NPO XAN
J	10	1 11 2 3 4 64 7 8 86 9
K	3	rep 1 rep 2 rep 3

Number of observations in data set = 150

Dados para verificação

General Linear Models Procedure

Dependent Variable: ARE_LES

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
--------	----	----------------	-------------	---------	--------

Mdel	59	11.89004400	0.20152617	11.74	0.0001
Error	90	1.54447333	0.01716081		
Corrected Total	149	13.43451733			
	R-Square	C. V.	Root MSE	ARE_LES	Mean
	0.885037	20.32467	0.130999		0.644533
Source	DF	Type I SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.02428400	0.25607100	14.92	0.0001
K(I)	10	0.91299333	0.09129933	5.32	0.0001
J	9	7.87530400	0.87503378	50.99	0.0001
I*J	36	2.07746267	0.05770730	3.36	0.0001
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.02428400	0.25607100	14.92	0.0001
K(I)	10	0.91299333	0.09129933	5.32	0.0001
J	9	7.87530400	0.87503378	50.99	0.0001
I*J	36	2.07746267	0.05770730	3.36	0.0001
Tests of Hypotheses using the Type III MS for K(I) as an error term					
Source	DF	Type III SS	Mean Square	F Value	Pr > F
I	4	1.02428400	0.25607100	2.80	0.0847

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

	I	J	ARE_LES LSMEAN	LSMEAN Number
FIG	1		0.6666667	1
FIG	11		0.7300000	2
FIG	2		0.6900000	3
FIG	3		0.8433333	4
FIG	4		0.5866667	5
FIG	64		0.2066667	6
FIG	7		0.2433333	7
FIG	8		0.1600000	8
FIG	86		1.2466667	9
FIG	9		0.5433333	10
GUA	1		0.7266667	11
GUA	11		0.6566667	12
GUA	2		0.5633333	13
GUA	3		0.7133333	14
GUA	4		0.5800000	15
GUA	64		0.2233333	16
GUA	7		0.5200000	17
GUA	8		0.4400000	18
GUA	86		1.2500000	19
GUA	9		0.8000000	20
M/D	1		0.7466667	21
M/D	11		0.7733333	22
M/D	2		0.6466667	23
M/D	3		0.7766667	24
M/D	4		0.5800000	25
M/D	64		0.4066667	26
M/D	7		0.3200000	27
M/D	8		0.4866667	28
M/D	86		1.1400000	29
M/D	9		0.5400000	30
NPO	1		1.1066667	31
NPO	11		0.5800000	32
NPO	2		0.7533333	33

NPO	3	0.80333333	34
NPO	4	0.90000000	35
NPO	64	0.29333333	36
NPO	7	0.83000000	37
NPO	8	0.71333333	38
NPO	86	0.98333333	39
NPO	9	0.97000000	40
XAN	1	0.64000000	41
XAN	11	0.73666667	42
XAN	2	0.57000000	43
XAN	3	0.73000000	44
XAN	4	0.63666667	45
XAN	64	0.22666667	46
XAN	7	0.28000000	47
XAN	8	0.23000000	48
XAN	86	1.10000000	49
XAN	9	0.33666667	50

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	.	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0302	0.0851	0.0068	0.0005
2	1.0000	.	1.0000	1.0000	1.0000	0.0039	0.0132	0.0007	0.0049
3	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.0147	0.0447	0.0031	0.0012
4	1.0000	1.0000	1.0000	.	0.9564	0.0001	0.0002	0.0001	0.1409
5	1.0000	1.0000	1.0000	0.9564	.	0.2382	0.4644	0.0779	0.0001
6	0.0302	0.0039	0.0147	0.0001	0.2382	.	1.0000	1.0000	0.0001
7	0.0851	0.0132	0.0447	0.0002	0.4644	1.0000	.	1.0000	0.0001
8	0.0068	0.0007	0.0031	0.0001	0.0779	1.0000	1.0000	.	0.0001
9	0.0005	0.0049	0.0012	0.1409	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	.
10	1.0000	0.9999	1.0000	0.7714	1.0000	0.5125	0.7714	0.2220	0.0001
11	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0043	0.0147	0.0008	0.0043
12	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	0.0406	0.1102	0.0095	0.0003
13	1.0000	1.0000	1.0000	0.8792	1.0000	0.3731	0.6347	0.1409	0.0001
14	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0068	0.0223	0.0013	0.0027
15	1.0000	1.0000	1.0000	0.9396	1.0000	0.2730	0.5125	0.0929	0.0001
16	0.0492	0.0068	0.0247	0.0001	0.3310	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001
17	1.0000	0.9984	1.0000	0.6104	1.0000	0.6824	0.8935	0.3517	0.0001
18	0.9935	0.8298	0.9695	0.1409	1.0000	0.9893	0.9996	0.8792	0.0001
19	0.0004	0.0043	0.0010	0.1300	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000
20	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9978	0.0003	0.0012	0.0001	0.0447
21	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0021	0.0076	0.0004	0.0085
22	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0008	0.0031	0.0001	0.0201
23	1.0000	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	0.0541	0.1409	0.0132	0.0002
24	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	0.0007	0.0027	0.0001	0.0223
25	1.0000	1.0000	1.0000	0.9396	1.0000	0.2730	0.5125	0.0929	0.0001
26	0.9485	0.6104	0.8638	0.0593	1.0000	0.9994	1.0000	0.9748	0.0001
27	0.4408	0.1197	0.2916	0.0039	0.9297	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001
28	1.0000	0.9794	0.9992	0.3731	1.0000	0.8792	0.9794	0.5859	0.0001
29	0.0201	0.1197	0.0406	0.7917	0.0013	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000
30	1.0000	0.9998	1.0000	0.7501	1.0000	0.5369	0.7917	0.2382	0.0001
31	0.0541	0.2552	0.1012	0.9396	0.0043	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000
32	1.0000	1.0000	1.0000	0.9396	1.0000	0.2730	0.5125	0.0929	0.0001
33	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0017	0.0061	0.0003	0.0106
34	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9971	0.0003	0.0010	0.0001	0.0492
35	0.9893	1.0000	0.9984	1.0000	0.6824	0.0001	0.0001	0.0001	0.4408
36	0.2730	0.0593	0.1649	0.0015	0.8112	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001
37	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9794	0.0001	0.0004	0.0001	0.1012
38	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0068	0.0223	0.0013	0.0027
39	0.6587	0.9634	0.8112	1.0000	0.1649	0.0001	0.0001	0.0001	0.9396
40	0.7501	0.9833	0.8792	1.0000	0.2220	0.0001	0.0001	0.0001	0.8935
41	1.0000	1.0000	1.0000	0.9992	1.0000	0.0650	0.1649	0.0163	0.0002
42	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0031	0.0106	0.0006	0.0061
43	1.0000	1.0000	1.0000	0.9066	1.0000	0.3310	0.5859	0.1197	0.0001
44	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0039	0.0132	0.0007	0.0049
45	1.0000	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	0.0712	0.1780	0.0181	0.0002
46	0.0541	0.0076	0.0273	0.0001	0.3517	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001
47	0.2066	0.0406	0.1197	0.0009	0.7282	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001

48	0.0593	0.0085	0.0302	0.0001	0.3731	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001
49	0.0650	0.2916	0.1197	0.9564	0.0054	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000
50	0.5614	0.1780	0.3951	0.0068	0.9695	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0492	1.0000	0.9935
2	0.9999	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0068	0.9984	0.8298
3	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0247	1.0000	0.9695
4	0.7714	1.0000	0.9999	0.8792	1.0000	0.9396	0.0001	0.6104	0.1409
5	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.3310	1.0000	1.0000
6	0.5125	0.0043	0.0406	0.3731	0.0068	0.2730	1.0000	0.6824	0.9893
7	0.7714	0.0147	0.1102	0.6347	0.0223	0.5125	1.0000	0.8935	0.9996
8	0.2220	0.0008	0.0095	0.1409	0.0013	0.0929	1.0000	0.3517	0.8792
9	0.0001	0.0043	0.0003	0.0001	0.0027	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001
10	.	0.9999	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.6347	1.0000	1.0000
11	0.9999	.	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0076	0.9989	0.8473
12	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000	1.0000	0.0650	1.0000	0.9971
13	1.0000	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.4883	1.0000	1.0000
14	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.	1.0000	0.0118	0.9997	0.9066
15	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.	0.3731	1.0000	1.0000
16	0.6347	0.0076	0.0650	0.4883	0.0118	0.3731	.	0.7917	0.9971
17	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	0.9997	1.0000	0.7917	.	1.0000
18	1.0000	0.8473	0.9971	1.0000	0.9066	1.0000	0.9971	1.0000	.
19	0.0001	0.0039	0.0003	0.0001	0.0024	0.0001	0.0001	0.0001	0.0001
20	0.9564	1.0000	1.0000	0.9866	1.0000	0.9962	0.0006	0.8792	0.3517
21	0.9992	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.0039	0.9935	0.7282
22	0.9916	1.0000	1.0000	0.9984	1.0000	0.9997	0.0015	0.9634	0.5369
23	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0851	1.0000	0.9989
24	0.9893	1.0000	1.0000	0.9978	1.0000	0.9996	0.0013	0.9564	0.5125
25	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.3731	1.0000	1.0000
26	1.0000	0.6347	0.9695	1.0000	0.7282	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000
27	0.9950	0.1300	0.5125	0.9794	0.1780	0.9485	1.0000	0.9994	1.0000
28	1.0000	0.9833	1.0000	1.0000	0.9935	1.0000	0.9396	1.0000	1.0000
29	0.0003	0.1102	0.0147	0.0006	0.0779	0.0010	0.0001	0.0001	0.0001
30	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.6587	1.0000	1.0000
31	0.0009	0.2382	0.0406	0.0019	0.1780	0.0034	0.0001	0.0004	0.0001
32	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.3731	1.0000	1.0000
33	0.9984	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000	0.0031	0.9893	0.6824
34	0.9485	1.0000	1.0000	0.9833	1.0000	0.9950	0.0005	0.8638	0.3310
35	0.3731	1.0000	0.9794	0.5125	0.9999	0.6347	0.0001	0.2382	0.0302
36	0.9695	0.0650	0.3310	0.9187	0.0929	0.8473	1.0000	0.9935	1.0000
37	0.8473	1.0000	1.0000	0.9297	1.0000	0.9695	0.0002	0.7056	0.1919
38	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0118	0.9997	0.9066
39	0.0541	0.9564	0.5859	0.0929	0.9187	0.1409	0.0001	0.0273	0.0019
40	0.0779	0.9794	0.6824	0.1300	0.9564	0.1919	0.0001	0.0406	0.0031
41	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1012	1.0000	0.9994
42	0.9997	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0054	0.9971	0.7917
43	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.4408	1.0000	1.0000
44	0.9999	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0068	0.9984	0.8298
45	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.1102	1.0000	0.9996
46	0.6587	0.0085	0.0712	0.5125	0.0132	0.3951	1.0000	0.8112	0.9978
47	0.9396	0.0447	0.2552	0.8638	0.0650	0.7714	1.0000	0.9833	1.0000
48	0.6824	0.0095	0.0779	0.5369	0.0147	0.4177	1.0000	0.8298	0.9984
49	0.0012	0.2730	0.0492	0.0024	0.2066	0.0043	0.0001	0.0005	0.0001
50	0.9989	0.1919	0.6347	0.9935	0.2552	0.9794	1.0000	0.9999	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1	0.0004	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9485	0.4408
2	0.0043	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.6104	0.1197
3	0.0010	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.8638	0.2916
4	0.1300	1.0000	1.0000	1.0000	0.9996	1.0000	0.9396	0.0593	0.0039
5	0.0001	0.9978	1.0000	0.9999	1.0000	0.9998	1.0000	1.0000	0.9297
6	0.0001	0.0003	0.0021	0.0008	0.0541	0.0007	0.2730	0.9994	1.0000
7	0.0001	0.0012	0.0076	0.0031	0.1409	0.0027	0.5125	1.0000	1.0000
8	0.0001	0.0001	0.0004	0.0001	0.0132	0.0001	0.0929	0.9748	1.0000
9	1.0000	0.0447	0.0085	0.0201	0.0002	0.0223	0.0001	0.0001	0.0001
10	0.0001	0.9564	0.9992	0.9916	1.0000	0.9893	1.0000	1.0000	0.9950
11	0.0039	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.6347	0.1300
12	0.0003	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9695	0.5125
13	0.0001	0.9866	0.9999	0.9984	1.0000	0.9978	1.0000	1.0000	0.9794
14	0.0024	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7282	0.1780
15	0.0001	0.9962	1.0000	0.9997	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	0.9485
16	0.0001	0.0006	0.0039	0.0015	0.0851	0.0013	0.3731	0.9999	1.0000
17	0.0001	0.8792	0.9935	0.9634	1.0000	0.9564	1.0000	1.0000	0.9994
18	0.0001	0.3517	0.7282	0.5369	0.9989	0.5125	1.0000	1.0000	1.0000
19	.	0.0406	0.0076	0.0181	0.0002	0.0201	0.0001	0.0001	0.0001
20	0.0406	.	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9962	0.1780	0.0163
21	0.0076	1.0000	.	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.4883	0.0779
22	0.0181	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.9997	0.3109	0.0368
23	0.0002	1.0000	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.9833	0.5859
24	0.0201	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.	0.9996	0.2916	0.0334
25	0.0001	0.9962	1.0000	0.9997	1.0000	0.9996	.	1.0000	0.9485
26	0.0001	0.1780	0.4883	0.3109	0.9833	0.2916	1.0000	.	1.0000
27	0.0001	0.0163	0.0779	0.0368	0.5859	0.0334	0.9485	1.0000	.
28	0.0001	0.6824	0.9485	0.8473	1.0000	0.8298	1.0000	1.0000	1.0000
29	1.0000	0.4883	0.1780	0.3109	0.0106	0.3310	0.0010	0.0001	0.0001
30	0.0001	0.9485	0.9989	0.9893	1.0000	0.9866	1.0000	1.0000	0.9962
31	1.0000	0.7282	0.3517	0.5369	0.0302	0.5614	0.0034	0.0001	0.0001
32	0.0001	0.9962	1.0000	0.9997	1.0000	0.9996	1.0000	1.0000	0.9485
33	0.0095	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.4408	0.0650
34	0.0447	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9950	0.1649	0.0147
35	0.4177	1.0000	1.0000	1.0000	0.9634	1.0000	0.6347	0.0106	0.0005
36	0.0001	0.0068	0.0368	0.0163	0.3951	0.0147	0.8473	1.0000	1.0000
37	0.0929	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	0.9695	0.0851	0.0061
38	0.0024	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.7282	0.1780
39	0.9297	0.9999	0.9866	0.9984	0.5125	0.9989	0.1409	0.0006	0.0001
40	0.8792	1.0000	0.9950	0.9996	0.6104	0.9997	0.1919	0.0009	0.0001
41	0.0002	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9893	0.6347
42	0.0054	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.5614	0.1012
43	0.0001	0.9916	1.0000	0.9992	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000	0.9695
44	0.0043	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.6104	0.1197
45	0.0001	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9916	0.6587
46	0.0001	0.0006	0.0043	0.0017	0.0929	0.0015	0.3951	1.0000	1.0000
47	0.0001	0.0043	0.0247	0.0106	0.3109	0.0095	0.7714	1.0000	1.0000
48	0.0001	0.0007	0.0049	0.0019	0.1012	0.0017	0.4177	1.0000	1.0000
49	1.0000	0.7714	0.3951	0.5859	0.0368	0.6104	0.0043	0.0001	0.0001
50	0.0001	0.0273	0.1197	0.0593	0.7056	0.0541	0.9794	1.0000	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1	1.0000	0.0201	1.0000	0.0541	1.0000	1.0000	1.0000	0.9893	0.2730
2	0.9794	0.1197	0.9998	0.2552	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0593
3	0.9992	0.0406	1.0000	0.1012	1.0000	1.0000	1.0000	0.9984	0.1649
4	0.3731	0.7917	0.7501	0.9396	0.9396	1.0000	1.0000	1.0000	0.0015
5	1.0000	0.0013	1.0000	0.0043	1.0000	1.0000	0.9971	0.6824	0.8112
6	0.8792	0.0001	0.5369	0.0001	0.2730	0.0017	0.0003	0.0001	1.0000
7	0.9794	0.0001	0.7917	0.0001	0.5125	0.0061	0.0010	0.0001	1.0000
8	0.5859	0.0001	0.2382	0.0001	0.0929	0.0003	0.0001	0.0001	1.0000
9	0.0001	1.0000	0.0001	1.0000	0.0001	0.0106	0.0492	0.4408	0.0001
10	1.0000	0.0003	1.0000	0.0009	1.0000	0.9984	0.9485	0.3731	0.9695
11	0.9833	0.1102	0.9999	0.2382	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0650
12	1.0000	0.0147	1.0000	0.0406	1.0000	1.0000	1.0000	0.9794	0.3310

13	1.0000	0.0006	1.0000	0.0019	1.0000	0.9998	0.9833	0.5125	0.9187
14	0.9935	0.0779	1.0000	0.1780	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0929
15	1.0000	0.0010	1.0000	0.0034	1.0000	1.0000	0.9950	0.6347	0.8473
16	0.9396	0.0001	0.6587	0.0001	0.3731	0.0031	0.0005	0.0001	1.0000
17	1.0000	0.0001	1.0000	0.0004	1.0000	0.9893	0.8638	0.2382	0.9935
18	1.0000	0.0001	1.0000	0.0001	1.0000	0.6824	0.3310	0.0302	1.0000
19	0.0001	1.0000	0.0001	1.0000	0.0001	0.0095	0.0447	0.4177	0.0001
20	0.6824	0.4883	0.9485	0.7282	0.9962	1.0000	1.0000	1.0000	0.0068
21	0.9485	0.1780	0.9989	0.3517	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0368
22	0.8473	0.3109	0.9893	0.5369	0.9997	1.0000	1.0000	1.0000	0.0163
23	1.0000	0.0106	1.0000	0.0302	1.0000	1.0000	1.0000	0.9634	0.3951
24	0.8298	0.3310	0.9866	0.5614	0.9996	1.0000	1.0000	1.0000	0.0147
25	1.0000	0.0010	1.0000	0.0034	1.0000	1.0000	0.9950	0.6347	0.8473
26	1.0000	0.0001	1.0000	0.0001	1.0000	0.4408	0.1649	0.0106	1.0000
27	1.0000	0.0001	0.9962	0.0001	0.9485	0.0650	0.0147	0.0005	1.0000
28	.	0.0001	1.0000	0.0001	1.0000	0.9297	0.6587	0.1102	0.9997
29	0.0001	.	0.0002	1.0000	0.0010	0.2066	0.5125	0.9833	0.0001
30	1.0000	0.0002	.	0.0008	1.0000	0.9978	0.9396	0.3517	0.9748
31	0.0001	1.0000	0.0008	.	0.0034	0.3951	0.7501	0.9989	0.0001
32	1.0000	0.0010	1.0000	0.0034	.	1.0000	0.9950	0.6347	0.8473
33	0.9297	0.2066	0.9978	0.3951	1.0000	.	1.0000	1.0000	0.0302
34	0.6587	0.5125	0.9396	0.7501	0.9950	1.0000	.	1.0000	0.0061
35	0.1102	0.9833	0.3517	0.9989	0.6347	1.0000	1.0000	.	0.0002
36	0.9997	0.0001	0.9748	0.0001	0.8473	0.0302	0.0061	0.0002	.
37	0.4644	0.7056	0.8298	0.8935	0.9695	1.0000	1.0000	1.0000	0.0024
38	0.9935	0.0779	1.0000	0.1780	1.0000	1.0000	1.0000	0.9999	0.0929
39	0.0095	1.0000	0.0492	1.0000	0.1409	0.9916	1.0000	1.0000	0.0001
40	0.0147	1.0000	0.0712	1.0000	0.1919	0.9971	1.0000	1.0000	0.0001
41	1.0000	0.0085	1.0000	0.0247	1.0000	1.0000	1.0000	0.9485	0.4408
42	0.9695	0.1409	0.9996	0.2916	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0492
43	1.0000	0.0007	1.0000	0.0024	1.0000	0.9999	0.9893	0.5614	0.8935
44	0.9794	0.1197	0.9998	0.2552	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.0593
45	1.0000	0.0076	1.0000	0.0223	1.0000	1.0000	1.0000	0.9396	0.4644
46	0.9485	0.0001	0.6824	0.0001	0.3951	0.0034	0.0006	0.0001	1.0000
47	0.9989	0.0001	0.9485	0.0001	0.7714	0.0201	0.0039	0.0001	1.0000
48	0.9564	0.0001	0.7056	0.0001	0.4177	0.0039	0.0006	0.0001	1.0000
49	0.0001	1.0000	0.0010	1.0000	0.0043	0.4408	0.7917	0.9994	0.0001
50	1.0000	0.0001	0.9992	0.0001	0.9794	0.1012	0.0247	0.0009	1.0000

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J

Pr > |T| HO: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	37	38	39	40	41	42	43	44	45
1	1.0000	1.0000	0.6587	0.7501	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
2	1.0000	1.0000	0.9634	0.9833	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
3	1.0000	1.0000	0.8112	0.8792	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
4	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9992	1.0000	0.9066	1.0000	0.9989
5	0.9794	1.0000	0.1649	0.2220	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
6	0.0001	0.0068	0.0001	0.0001	0.0650	0.0031	0.3310	0.0039	0.0712
7	0.0004	0.0223	0.0001	0.0001	0.1649	0.0106	0.5859	0.0132	0.1780
8	0.0001	0.0013	0.0001	0.0001	0.0163	0.0006	0.1197	0.0007	0.0181
9	0.1012	0.0027	0.9396	0.8935	0.0002	0.0061	0.0001	0.0049	0.0002
10	0.8473	1.0000	0.0541	0.0779	1.0000	0.9997	1.0000	0.9999	1.0000
11	1.0000	1.0000	0.9564	0.9794	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
12	1.0000	1.0000	0.5859	0.6824	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
13	0.9297	1.0000	0.0929	0.1300	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
14	1.0000	1.0000	0.9187	0.9564	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
15	0.9695	1.0000	0.1409	0.1919	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
16	0.0002	0.0118	0.0001	0.0001	0.1012	0.0054	0.4408	0.0068	0.1102
17	0.7056	0.9997	0.0273	0.0406	1.0000	0.9971	1.0000	0.9984	1.0000
18	0.1919	0.9066	0.0019	0.0031	0.9994	0.7917	1.0000	0.8298	0.9996
19	0.0929	0.0024	0.9297	0.8792	0.0002	0.0054	0.0001	0.0043	0.0001
20	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	1.0000	0.9916	1.0000	1.0000
21	1.0000	1.0000	0.9866	0.9950	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
22	1.0000	1.0000	0.9984	0.9996	1.0000	1.0000	0.9992	1.0000	1.0000
23	0.9999	1.0000	0.5125	0.6104	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
24	1.0000	1.0000	0.9989	0.9997	1.0000	1.0000	0.9989	1.0000	1.0000
25	0.9695	1.0000	0.1409	0.1919	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
26	0.0851	0.7282	0.0006	0.0009	0.9893	0.5614	1.0000	0.6104	0.9916

27	0.0061	0.1780	0.0001	0.0001	0.6347	0.1012	0.9695	0.1197	0.6587
28	0.4644	0.9935	0.0095	0.0147	1.0000	0.9695	1.0000	0.9794	1.0000
29	0.7056	0.0779	1.0000	1.0000	0.0085	0.1409	0.0007	0.1197	0.0076
30	0.8298	1.0000	0.0492	0.0712	1.0000	0.9996	1.0000	0.9998	1.0000
31	0.8935	0.1780	1.0000	1.0000	0.0247	0.2916	0.0024	0.2552	0.0223
32	0.9695	1.0000	0.1409	0.1919	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
33	1.0000	1.0000	0.9916	0.9971	1.0000	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000
34	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	0.9893	1.0000	1.0000
35	1.0000	0.9999	1.0000	1.0000	0.9485	1.0000	0.5614	1.0000	0.9396
36	0.0024	0.0929	0.0001	0.0001	0.4408	0.0492	0.8935	0.0593	0.4644
37	.	1.0000	1.0000	1.0000	0.9998	1.0000	0.9485	1.0000	0.9997
38	1.0000	.	0.9187	0.9564	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
39	1.0000	0.9187	.	1.0000	0.4644	0.9748	0.1102	0.9634	0.4408
40	1.0000	0.9564	1.0000	.	0.5614	0.9893	0.1525	0.9833	0.5369
41	0.9998	1.0000	0.4644	0.5614	.	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
42	1.0000	1.0000	0.9748	0.9893	1.0000	.	1.0000	1.0000	1.0000
43	0.9485	1.0000	0.1102	0.1525	1.0000	1.0000	.	1.0000	1.0000
44	1.0000	1.0000	0.9634	0.9833	1.0000	1.0000	1.0000	.	1.0000
45	0.9997	1.0000	0.4408	0.5369	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000	.
46	0.0002	0.0132	0.0001	0.0001	0.1102	0.0061	0.4644	0.0076	0.1197
47	0.0015	0.0650	0.0001	0.0001	0.3517	0.0334	0.8298	0.0406	0.3731
48	0.0002	0.0147	0.0001	0.0001	0.1197	0.0068	0.4883	0.0085	0.1300
49	0.9187	0.2066	1.0000	1.0000	0.0302	0.3310	0.0031	0.2916	0.0273
50	0.0106	0.2552	0.0001	0.0001	0.7501	0.1525	0.9893	0.1780	0.7714

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means
Adjustment for multiple comparisons: Tukey

Least Squares Means for effect I*J
Pr > |T| H0: LSMEAN(i)=LSMEAN(j)

Dependent Variable: ARE_LES

i/j	46	47	48	49	50
1	0.0541	0.2066	0.0593	0.0650	0.5614
2	0.0076	0.0406	0.0085	0.2916	0.1780
3	0.0273	0.1197	0.0302	0.1197	0.3951
4	0.0001	0.0009	0.0001	0.9564	0.0068
5	0.3517	0.7282	0.3731	0.0054	0.9695
6	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
7	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
8	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
9	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001
10	0.6587	0.9396	0.6824	0.0012	0.9989
11	0.0085	0.0447	0.0095	0.2730	0.1919
12	0.0712	0.2552	0.0779	0.0492	0.6347
13	0.5125	0.8638	0.5369	0.0024	0.9935
14	0.0132	0.0650	0.0147	0.2066	0.2552
15	0.3951	0.7714	0.4177	0.0043	0.9794
16	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
17	0.8112	0.9833	0.8298	0.0005	0.9999
18	0.9978	1.0000	0.9984	0.0001	1.0000
19	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001
20	0.0006	0.0043	0.0007	0.7714	0.0273
21	0.0043	0.0247	0.0049	0.3951	0.1197
22	0.0017	0.0106	0.0019	0.5859	0.0593
23	0.0929	0.3109	0.1012	0.0368	0.7056
24	0.0015	0.0095	0.0017	0.6104	0.0541
25	0.3951	0.7714	0.4177	0.0043	0.9794
26	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
27	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
28	0.9485	0.9989	0.9564	0.0001	1.0000
29	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001
30	0.6824	0.9485	0.7056	0.0010	0.9992
31	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001
32	0.3951	0.7714	0.4177	0.0043	0.9794
33	0.0034	0.0201	0.0039	0.4408	0.1012
34	0.0006	0.0039	0.0006	0.7917	0.0247
35	0.0001	0.0001	0.0001	0.9994	0.0009
36	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
37	0.0002	0.0015	0.0002	0.9187	0.0106
38	0.0132	0.0650	0.0147	0.2066	0.2552
39	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001
40	0.0001	0.0001	0.0001	1.0000	0.0001

41	0.1102	0.3517	0.1197	0.0302	0.7501
42	0.0061	0.0334	0.0068	0.3310	0.1525
43	0.4644	0.8298	0.4883	0.0031	0.9893
44	0.0076	0.0406	0.0085	0.2916	0.1780
45	0.1197	0.3731	0.1300	0.0273	0.7714
46	.	1.0000	1.0000	0.0001	1.0000
47	1.0000	.	1.0000	0.0001	1.0000
48	1.0000	1.0000	.	0.0001	1.0000
49	0.0001	0.0001	0.0001	.	0.0001
50	1.0000	1.0000	1.0000	0.0001	.

Dados para verificação

General Linear Models Procedure
Least Squares Means

I*J Effect Sliced by I for ARE_LES

I	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Pr > F
FIG	9	2.955150	0.328350	19.1337	0.0001
GUA	9	1.943453	0.215939	12.5833	0.0001
M/D	9	1.475417	0.163935	9.5529	0.0001
NPO	9	1.445467	0.160607	9.3590	0.0001
XAN	9	2.133280	0.237031	13.8123	0.0001

Referências Bibliográficas

- ALAHAKOON, P.W.; BROWN, A.E.; SREENIVASAPRASAD, S. Cross-infection potential of genetic groups of *Colletotrichum gloeosporioides* on tropical fruits. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v.44, p.93-103, 1994.
- BADU-APRAKU, B.; GRACEN, V.E.; BERGSTROM, G.C. A major gene for resistance to anthracnose stalk rot in maize. **Phytopathology**, v. 77, p.957-959, 1987a.
- BADU-APRAKU, B.; GRACEN, V.E.; BERGSTROM, G.C. Inheritance of resistance to anthracnose stalk rot and leaf blight in a maize inbred derived from a temperate by tropical germplasm combination. **Maydica**, v. 32, p.221-237, 1987b.
- BROWNING, M.; ROWLEY, L.V. ZENG, P. et al. Morphological, pathogenic, and genetic comparisons of *Colletotrichum graminicola* isolates from Poaceae. **Plant Disease**, v.83, p.286-292, 1999.
- CARSON, M.L.; HOOKER, A.L. Inheritance of resistance to anthracnose leaf blight in five inbred lines of corn. **Phytopathology**, v.71, p.488-491, 1981a.
- CARSON, M.L.; HOOKER, A.L. Inheritance of resistance to stalk rot in a corn inbred line, **Phytopathology**, v.71, p.1190-1196, 1981b.

- CARSON, M.L.; HOOKER, A.L. Reciprocal translocation testcross analysis of genes for anthracnose stalk rot resistance in a corn inbred line, **Phytopathology**, v.72, p.175-177, 1982.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Proposta de um sistema de classificação de raças de *Colletotrichum graminicola* agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor*), **Fitopatologia Brasileira**, v.12, n.4, p.337-344, 1987.
- CASELA, C.R.; FREDRIKSEN, R.A. Pathogenic variability in monoconidial isolates of the sorghum anthracnose fungus *Colletotrichum graminicola* from single lesions and from monoconidial cultures, **Fitopatologia Brasileira**, v.19, n.2, p.149-153, 1994.
- CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S. Variabilidade e estrutura de virulência em *Colletotrichum graminicola* em sorgo. **Fitopatologia Brasileira**, v.21, n.3, p.357-361, 1996.
- COÊLHO, R.M.S. Resistência monogênica em milho a mancha foliar causada por *Colletotrichum graminicola*. (compact disc) In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., Recife, 1998. **Anais**. Recife: ABMS, 1998.
- COÊLHO, R.M.S.; SILVA, H.P.; BRUNELLI, K.R.; CAMARGO, L.E.A. Controle genético da antracnose foliar em milho. **Fitopatologia Brasileira**, v.26, n.3, p.640-643, set. 2001.
- CORRELL, J.C.; RHOADS, D.D.; GUERBER, J.C. Examination of mitochondrial DNA restriction fragment length polymorphisms, DNA fingerprints, and randomly amplified polymorphic DNA of *Colletotrichum orbiculare*. **Phytopathology**, v.83, n.11, p.1199-1204, 1993.

- CRUZ, J.C.; MONTEIRO, J.A.; SANTANA, D.P. **Agricultura real:** recomendações técnicas para a cultura do milho. 2. ed. Brasília: EMBRAPA, SPI, 1996. 204 p.
- DALE, J.L. Corn anthracnose. **Plant Disease Reporter**, v.27, p.245-249, 1963.
- FERREIRA, A.S.; CASELA, C.R. Raças patogênicas de *Colletotrichum graminicola*, agente causal da antracnose em sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). **Fitopatologia Brasileira**, v.11, p.83-86, 1986.
- FORGEY, W.M.; BLANCO, M.H.; LOEGERING, W.Q. Differences in pathological capabilities and host specificity of *Colletotrichum graminicola* on *Zea mays*. **Plant Disease Reporter**. v.62, n.7, p.573-576, July 1978.
- FREEMAN, S.; KATAN, T.; SHABI, E. Characterization of *Colletotrichum* species responsible for anthracnose diseases of various fruits. **Plant Disease**, v.82, n.6, p.596-605, 1998.
- JAMIL, F.F.; NICHOLSON, R.L. Cultural studies on *Colletotrichum graminicola* isolates from shattercane, sorghum and corn. **Mycological Research**, v.93, n.1, p.63-66, 1989.
- JENNS, A.E.; LEONARD, K.J.; MOLL, R.H. Variation in the expression of specificity in two maize diseases. **Euphytica**, v.31, p.269-279, 1982.
- LEONARD, K.J.; THOMPSON, D.L. Effects of temperature and host maturity on lesion development of *Colletotrichum graminicola* on corn. **Phytopathology**, v.66, p.6325-6329, 1976.

- LIM, S.M.; WHITE, D.G. Estimates of heterosis and combining ability for resistance of maize to *Colletotrichum graminicola*. **Phytopathology**, v.68, p.1336-1342, 1978.
- LIPPS, P.E. Survival of *Colletotrichum graminicola* in infested corn residue in Ohio. **Plant Disease**, v.67, p.102-104, 1983.
- LIPPS, P.E. Influence of inoculum from buried and surface corn residues on the incidence of corn anthracnose. **Phytopathology**, v.75, p.1212-1216, 1985.
- LIPPS, P.E. Spread of corn anthracnose from surface residues in continuous corn and corn-soybean rotation plots. **Phytopathology**, v.78, p.756-761, 1988.
- MINUSSI, E.; KIMATI, H. Taxonomia de *Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wils. **Ver. do Centro de Ciências Rurais**, v.9, n.2, p.171-187, 1979.
- NAYLOR, V.D.; LEONARD, K.J. Survival of *Colletotrichum graminicola* in infected corn stalks in North Carolina. **Plant Disease Reporter**, v.61, p.382-383, 1977.
- NICHOLSON, R.L.; WARREN, H.L. Criteria for evaluation of resistance to maize anthracnose. **Phytopathology**, v.66, p.86-90, 1976.
- NICHOLSON, R.L.; WARREN, H.L. The issue of races of *Colletotrichum graminicola* pathogenic to corn. **Plant Disease**, v.65, p.143-145, 1981.

- PEREIRA, J.R. Métodos de inoculação em milho com *Colletotrichum graminicola* f.sp. *zeae* e herança da resistência, Piracicaba, 1978. 32p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- PONELEIT, C.G.; POLITIS, D.J.; WHEELER, H. Resistance to corn anthracnose. **Crop Science**, v.12, p.875-876, 1972.
- READER, U.E.; BRODA, P. RAPD Preparation of DNA from filamentous fungi. **Letters in Applied Microbiology**, v.1, n.1, p.17-20, 1985.
- SHERRIFF, C.; WHELAN, M.J.; ARNOLD, G.M.; BAILEY, J.A. rDNA sequence analysis confirms the distinction between *Colletotrichum graminicola* and *C. sublineolum*. **Mycological Research**, v.99, p.475-478, 1995.
- SHURTLEFF, M.C. **A compendium of corn diseases**. 2.ed. St. Paul: The American Phytopathological Society, 1980. 105p.
- SICARD, D.; MICHALAKIS, Y.; DRON, M.; NEEMA, C. Genetic diversity and pathogenic variation of *Colletotrichum lindemithianum* in the three centers of diversity of its host, *Phaseolus vulgaris*. **Phytopathology**, v.87, p.807-813, 1997.
- SILVA, H.P.; PEREIRA, O.A.P.; MIRANDA FILHO, J.B.; BALMER, E. Análise genética da resistência da nervura central da folha do milho ao *Colletotrichum graminicola* (Ces.) Wils. **Summa Phytopathologica**, v.12, p.80-91, 1986.

- SMITH, D.R. Yield reduction in dent corn caused by *Colletotrichum graminicola*. **Plant Disease Reporter**. v.60. n.11, p.967-970, 1976
- SREENIVASAPRASAD, S.; BROWN, A.E.; MILLS, P.R. DNA sequence variation and interrelationships among *Colletotrichum* species causing strawberry anthracnose. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v.41, p.265-281, 1992.
- SREENIVASAPRASAD, S.; BROWN, A.E.; MILLS, P.R. Coffee berry disease pathogen in Africa: Genetic structure and relationship to the group species *Colletotrichum gloeosporioides*. **Mycological Research**. v.97, p.995-1000, 1993.
- THOMPSON, J.N.; BURDON, J.J. Gene-for-gene coevolution between plants and parasites. **Nature**, v.360, p.121-125, Nov. 1992.
- TOMAN, J.; WHITE, D.G. Inheritance of resistance to anthracnose stalk rot of corn. **Phytopathology**, v.83, p.981-986, 1993.
- WELDEKIDAN, J.A.; HAWK, J.A. inheritance of anthracnose stalk rot resistance in mayze. **Maydica**, v.38, p.189-192, 1993.
- WHELER, H.; POLITIS, D.J.; PONELEIT, C.G. Pathogenicity, host range and distribution of *Colletotrichum graminicola* on corn. **Phytopathology**, v.64, p.293-296, 1974.
- WHITE, D.G. (Ed.) **Compendium of corn diseases**. 3.ed. St. Paul: American Phytopathological Society, 1999. 78p.

WHITE, D.G.; YANNEY, J.; ANDERSON, B. Variation in pathogenicity, virulence and aggressiveness of *Colletotrichum graminicola* on corn. **Phytopathology**. v.77, p.999-1001, 1987.

WILLIAMS, L.E.; WILLIS, G.M. Disease of corn caused by *Colletotrichum graminicolum*. **Phytopathology**, v.53, p.364-365, 1963

WILLIAMS, J.G.; KUBELINK, A.R.; KENNETH, J.L.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, n.22, p.6531-6535, 1990.