

ÉDER MATSUO

**RESISTÊNCIA DA SOJA À FERRUGEM ASIÁTICA: HIBRIDAÇÃO,  
HERANÇA E IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2012

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

M434r  
2012

Matsuo, Éder, 1984-  
Resistência de soja à ferrugem asiática : hibridação,  
herança e identificação de marcadores microssatélites / Éder  
Matsuo. – Viçosa, MG, 2012.  
x, 124f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Inclui anexos.

Orientador: Tuneo Sedyama.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Soja - Genética. 2. Soja - Resistência à doenças e pragas.  
3. Marcadores genéticos. 4. Ferrugem asiática.  
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22. ed. 633.342

ÉDER MATSUO

**RESISTÊNCIA DA SOJA À FERRUGEM ASIÁTICA: HIBRIDAÇÃO,  
HERANÇA E IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 14 de fevereiro de 2012.

---

Tocio Sedyama

---

Rogério Faria Vieira

---

Cosme Damião Cruz  
(Coorientador)

---

Sérgio Hermínio Brommonschenkel  
(Coorientador)

---

Tuneo Sedyama  
(Orientador)

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade da vida.

Aos meus pais, Marina Tizu Nagata Matsuo e Luiz Kaneo Matsuo, pela educação, amizade, companheirismo, amor e pelo apoio durante toda a minha vida. Obrigado por terem construído uma base sólida na minha formação pessoal!

Ao meu irmão, Hugo Matsuo, pela amizade e incentivo incansável para meu desenvolvimento profissional e cultural. Obrigado por acreditar em mim!

À minha esposa, Silvana da Costa Ferreira, companheira de todas as horas, pelo amor, carinho, companheirismo, paciência, por ensinar-me o valor da vida e acreditar no meu potencial.

À Universidade Federal de Viçosa, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, ao Departamento de Fitotecnia e ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (Bioagro) pela oportunidade de realizar o curso de doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig) pelo financiamento do projeto APQ-01987-10 (Edital 01/2010 – Demanda Universal).

Ao professor Tuneo Sedyama, pela orientação, amizade, paciência, compreensão, apoio, confiança, incentivo nas pesquisas de melhoramento genético de plantas e por ter me iniciado nas pesquisas de melhoramento genético de soja. Agradeço-lhe também por ter disponibilizado as dependências do Programa Melhoramento Genético de Soja do Departamento de Fitotecnia da UFV.

Aos professores Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel, pela coorientação, amizade, confiança, compreensão, pelas valiosas sugestões no momento da análise e redação desta tese e pela prestatividade nos ensinamentos na área de biometria, bioinformática, estatística, fitopatologia, genética e seleção assistida por marcadores moleculares. Agradeço-lhes também por terem disponibilizado as dependências do Laboratório de Bioinformática e de Genômica no Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária da UFV.

Aos doutores Tocio Sedyama e Rogério Faria Vieira, professor da Universidade Federal de Viçosa e pesquisador da Embrapa/Epamig, respectivamente,

pela participação da banca examinadora e pelas sugestões e indagações que muito contribuíram para a melhoria da tese e para o meu crescimento profissional.

A todos os professores do curso de Agronomia e da pós-graduação em Genética e Melhoramento e em Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, pelos ensinamentos e seriedade ao transmitir conhecimentos.

Às secretárias do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, do Departamento de Fitotecnia e do Bioagro, pela atenção e prestatividade.

A todos os funcionários do Departamento de Fitotecnia e de Fitopatologia e do Bioagro, em especial aos do Programa Melhoramento Genético de Soja, do Laboratório de Genômica e do Campo Experimental Diogo Alves de Mello, pela amizade e ajuda.

A todos os amigos do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento e em Fitotecnia, do Programa Melhoramento Genético de Soja, da Genômica, da Bioinformática, da Agronomia e do Seinen-Kai de Viçosa e de São Sebastião da Amoreira (Paraná), pela amizade, ajuda, companheirismo, troca de conhecimentos e pelo bom convívio.

À doutora Rita de Cássia Teixeira Oliveira, pela amizade e pelos ensinamentos sobre melhoramento genético da cultura da soja.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Meus sinceros agradecimentos!!!

## **BIOGRAFIA**

Éder Matsuo, filho de Marina Tizu Nagata Matsuo e Luiz Kaneo Matsuo, nasceu em 25 de maio de 1984, em Assaí, no estado do Paraná, Brasil.

Em março de 2003 iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa – UFV, em Viçosa, Minas Gerais, onde foi estagiário e bolsista de iniciação científica, sob orientação do professor Tuneo Sedyama. Acompanhou e desenvolveu projetos de pesquisa junto ao Programa Melhoramento Genético de Soja do Departamento de Fitotecnia da UFV. Gradou-se em Agronomia em janeiro de 2008.

Em março de 2008 iniciou o curso de mestrado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa da dissertação em 21 de julho de 2009.

Em agosto de 2009 iniciou o curso de doutorado em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa da tese em 14 de fevereiro de 2012.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vii
ABSTRACT .....	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	5
2.1. Aspectos gerais sobre a cultura da soja.....	5
2.2. Doenças da cultura da soja.....	6
2.3. Ferrugem Asiática da Soja (FAS) .....	6
2.3.1. <i>Efetividade da resistência</i> .....	8
2.3.2. <i>Ciclo da Phakopsora pachyrhizi</i> .....	11
2.4. Híbridação artificial .....	14
2.5. Estudos em melhoramento de plantas com base em modelos biométricos.....	15
2.5.1. <i>Diversidade genética</i> .....	15
2.5.2. <i>Herdabilidade e ganhos de seleção</i> .....	15
2.5.3. <i>Repetibilidade</i> .....	16
2.5.4. <i>Estabilidade fenotípica</i> .....	17
2.6. Marcadores Moleculares no melhoramento visando resistência a doenças .....	18
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	19
Capítulo 1 .....	26
REAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA INFECTADAS POR FERRUGEM ASIÁTICA .....	26
RESUMO .....	27
ABSTRACT .....	28
1. INTRODUÇÃO .....	29
2. MATERIAIS E MÉTODOS .....	31
2.1. Experimento 1 .....	31
2.2. Experimento 2 .....	34
2.3. Análise de tipo de parcelas experimentais na avaliação de caracteres agrônômicos e de resistência à ferrugem asiática .....	38
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	40
3.1. Experimento 1 .....	40
3.2. Experimento 2 .....	42

3.3. Análise de diferentes parcelas experimentais na avaliação de caracteres agronômicos e de resistência à ferrugem asiática .....	51
4. CONCLUSÕES .....	56
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	56
Capítulo 2.....	62
EFICIÊNCIA DA HIBRIDAÇÃO ARTIFICIAL ENTRE GENITORES DE SOJA COM DIFERENTES REAÇÕES À FERRUGEM ASIÁTICA .....	62
RESUMO .....	63
ABSTRACT.....	64
1. INTRODUÇÃO .....	65
2. MATERIAIS E MÉTODOS .....	66
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	69
4. CONCLUSÕES .....	77
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	77
Capítulo 3.....	79
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM GENÓTIPOS DE SOJA E ESTUDO DA HERANÇA E IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES LIGADOS AO GENE DE RESISTÊNCIA DA CULTIVAR TMG 803 AO AGENTE CAUSADOR DA FERRUGEM ASIÁTICA.....	79
RESUMO .....	80
ABSTRACT.....	82
1. INTRODUÇÃO .....	84
2. MATERIAIS E MÉTODOS .....	86
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	93
4. CONCLUSÕES .....	108
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	108
ANEXOS .....	113

## RESUMO

MATSUO, Éder, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Resistência da soja à ferrugem-asiática: hibridação, herança e identificação de marcadores microssatélites.** Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damiano Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

A soja é uma das principais culturas do Brasil e a ferrugem asiática (FAS) é uma das principais doenças da cultura da soja. Logo, o uso de cultivares resistentes é uma estratégia que pode ser utilizada no manejo dessa doença nas lavouras. Assim, objetivou-se analisar a reação; estimar o número de avaliações necessárias para determinar a diferença entre os materiais avaliados; estudar a diversidade genética de cultivares de soja em condições naturais de infecção da FAS; verificar a semelhança da mensuração de diversos caracteres da soja obtidos em dois tipos de parcelas experimentais; determinar a eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja e diferentes reações à FAS, considerando os horários de cruzamentos; estimar a herdabilidade, o ganho por seleção e a média da população melhorada para caracteres relacionados com a resistência e caracteres fenotípicos, avaliados em populações  $F_2$  desenvolvidas a partir do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR; estudar a segregação da população  $F_2$ , do cruzamento entre TMG 803 e BRS Valiosa RR, à FAS e identificar marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência. Foram conduzidos três experimentos em campo, um em casa de vegetação e um em laboratório. As cultivares utilizadas foram: TMG 801, TMG 803, BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR, UFVS 2010, NK 7059 RR e BRSGO 7560. Os resultados indicaram que as cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram reação de resistência ao patógeno; quatro avaliações foram suficientes para predizer o grau de resistência das cultivares; existe variabilidade genética entre as cultivares e foram identificados genitores potenciais para serem utilizados em programas de melhoramento; a área abaixo da curva da ferrugem no folíolo mais infectado, o número de sementes, o peso de sementes e o peso de 100 sementes apresentaram resultados semelhantes nas parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*); as hibridações artificiais realizadas, em janeiro, no período das 10:00h às 12:00h, com umidade relativa média de 34,1% e temperatura média de 38,6°C, foram as mais eficientes, seguidas do período das 14:00h às 16:00h, com umidade relativa média de 30,7% e temperatura média de 41,7°C; a eficiência das hibridações artificiais foi influenciada pela diferença entre grupos de maturidade dos genitores e número de

plantas de cada genitor; a magnitude da herdabilidade indicou possibilidade de ganhos por seleção e sucesso na identificação de indivíduos com menores porcentagens da área infectada do folíolo mais infectado e da evolução da ferrugem na planta nas gerações precoces dos programas de melhoramento; as estimativas de herdabilidade de dias do plantio ao florescimento, altura de planta no florescimento, dias do plantio à maturação, altura de planta na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e peso de sementes foram maiores no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR; os maiores ganhos por seleção preditos foram obtidos nos experimentos sem o controle do patógeno com fungicida, nos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR; a análise, em conjunto, da segregação e do mapeamento indicou que a resistência da cultivar TMG 803 à ferrugem asiática da soja é governada por um gene com dominância completa; o gene de resistência presente na cultivar TMG 803 foi mapeado no *loco* de resistência *Rpp4*, no grupo de ligação G, e o marcador microssatélite sc21\_3420 pode ser indicado para seleção assistida de genótipos de soja visando a introgressão da resistência da TMG 803.

## ABSTRACT

MATSUO, Éder, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Development of soybean lineages resistant to rust assisted by molecular markers.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz and Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

Soybean is one of the main tillages in Brazil and Asian rust (ASR) is one of the main soybean's disease. Thus, the use of resistant cultivars is a strategy that can be used in the management of this disease in tillages. So, our objective was to analyze the reaction; estimate the number of evaluations needed to determine the difference among tested materials; study the genetic diversity of soybean cultivars in natural conditions of Asian soybean rust (ASR) infection; check the measurement similarity of several soybean characters obtained in two types of experimental parcels; determine the artificial hybridization efficiency between soybeans genitors and different reactions to ASR, considering the crossings times; estimate the heritability, the sorting gain and the average of improved population to characters related to the resistance and phenotypic characters, measured in F2 populations developed from crossings TMG 801 x BRS Valuable RR and TMG 803 x BRS Valuable RR; study F2 population segregation from crossing between TMG 803 and BRS Valuable RR to ASR and identify microsatellite markers related to the resistance gene. Three experiments were conducted at field, one in a greenhouse and other one in a laboratory. Cultivars used were: TMG 801, TMG 803, BRS Valuable RR, Aquamarine RR, UFVS 2010, NK 7059 RR and BRSGO 7560. The results indicated that cultivars TMG 801, TMG 803 and BRSGO 7560 showed resistance reaction to pathogen; four evaluations were sufficient to predict the degree of cultivars resistance; there is genetic variability among cultivars and potential genitors were identified for being used in breeding programs; the area under the rust curve at the most infected leaflet, the number of seeds, the seeds weight and the weight of 100 seeds showed similar results in the experimental parcels (Hill Plot and Row Plot Design); Artificial hybridizations performed, in January, from 10 a.m to 12 p.m., with average relative humidity of 34,1% and average temperature of 38,6°C, were the most efficient, followed by the period from 2 p.m. to 4 p.m., with average relative humidity of 30,7% and an average temperature of 41,7°C; the efficiency of artificial hybridizations was influenced by the difference between the genitors' maturity groups and the number of each genitors' plant; the heritability magnitude indicated possibility of selection gains and success in the identification of individuals with the lowest percentages of the most

infected leaflet's infected area and the rust evolution in plant in precocious generations of breeding programs; the heritabilities estimation of days from planting to flowering, plant height at flowering, days from planting to maturity, plant height at maturity, number of pods per plant, number of seeds per plant and seeds weight were higher in crossing TMG 803 X BRS Valuable RR; the largest selection gains predicted were obtained in experiments without pathogen control with fungicides, in crossings TMG 801 x BRS Valuable RR and TMG 803 x BRS Valuable RR; the analysis, in group, of segregation and mapping indicated that the cultivar resistance TMG 803 to ASR is leaded by a gene with complete dominance; the resistance gene in the cultivar TMG 803 was mapped in Rpp4 resistance locus, in the linkage group G, and microsatellite marker sc21\_3420 can be indicated for assisted selection of soybean genotypes aiming the introgression of TMG 803 resistance.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) é uma das culturas mais importantes do Brasil. As exportações do agronegócio brasileiro, no período de setembro/2010 a agosto/2011, alcançaram US\$ 88,3 bilhões. Deste montante, o complexo soja contribuiu com US\$ 21,5 bilhões e destacou-se como um dos produtos mais exportados (Mapa, 2011). Na safra de 2011/2012, a área plantada com a soja é estimada em 24,63 milhões de hectares e a produção em 71,75 milhões de toneladas (Conab, 2012).

No Brasil, em janeiro de 2012, as lavouras encontram-se em diferentes estádios de desenvolvimento. Portanto, a estimativa de produção pode ainda ser afetada por condições climáticas desfavoráveis, ataque de pragas e doenças, perdas na colheita e pós-colheita, entre outros motivos. Em relação a doenças, a produção de 2012 pode ser reduzida em determinadas regiões entre 15% e 20%, podendo chegar a 100% (Embrapa, 2011). Entre as doenças da soja que limitam a produção e produtividade, destaca-se a ferrugem asiática da soja (FAS), causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow (Costa et al., 2008; Dhingra et al., 2009; Henning et al., 2010; Embrapa, 2011).

A presença da *P. pachyrhizi* foi relatada pela primeira vez no Paraná, na safra de 2000/2001. Em 2002, a doença já estava disseminada em 60% da área de cultivo do país e no ano seguinte em 90% (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2004/2005, a doença foi relatada em praticamente todas as regiões produtoras, com exceção de Roraima (Henning e Godoy, 2006). De acordo com Smiderle (2010), Roraima ainda está isento da ferrugem asiática. As perdas na safra de 2001/2002 foram estimadas em US\$ 125 milhões; em 2002/2003, mais de US\$ 1 bilhão e em 2003/2004, mais de US\$ 2 bilhões (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2005/2006, o impacto econômico da FAS foi estimada em US\$1,75 bilhão (Henning e Godoy, 2006).

O uso de variedades resistentes é um método eficiente no controle da FAS (Zambolim, 2006). No entanto, o desenvolvimento e a seleção destas cultivares resistentes têm sido desafiantes para os pesquisadores devido à grande variabilidade do patógeno (Oliveira et al., 2005; Arias et al., 2010) e à identificação de genótipos com resistência durável.

Essa doença causa dois tipos de lesões (RB e TAN). As plantas com lesões RB são resistentes e as plantas com lesões TAN são suscetíveis à FAS. Nas plantas resistentes, há morte do tecido foliar ao redor das lesões, o que caracteriza reação de hipersensibilidade (Dhingra et al., 2009; Arias et al., 2010; Henning et al., 2010). A

doença pode ser avaliada considerando-a como uma variável quantitativa. Os parâmetros tipo de lesão, intensidade de esporulação e avaliação periódica da severidade são práticas que diferenciam os genótipos quanto à resistência à FAS (Koga et al., 2008).

Até o presente momento, foram identificados sete alelos em cinco locos de resistência: *Rpp1* identificado na PI 200492 (McLean e Byth, 1980), *Rpp1-b* na PI 594538A (Chakraborty et al., 2009), *Rpp1?* na PI 587886 e PI 587880A (Ray et al., 2009), *Rpp2* na PI230970 (Bromfield e Hartwig, 1980), *Rpp3* na PI462312 (Bromfield e Melching, 1982), *Rpp4* na PI459025 (Hartwig, 1986) e *Rpp5* (Garcia et al., 2008).

No Brasil, seis cultivares de soja com resistência à FAS já foram lançadas no mercado. A TMG 801, a TMG 803, a TMG 7188 RR, a TMG 7161 RR e a TMG 7262 RR foram lançadas pela Fundação MT e parceiros (Fundação MT, 2011). A BRSGO 7560 foi lançada pela Embrapa e parceiros (Souza et al., 2009). Além dessas, as cultivares UFUS 8011, UFUS 8710 (Impacta) e UFUS Milionária são consideradas tolerantes à FAS (UFU-PMGS, 2012). As cultivares BRSGO 7560, TMG 801 e TMG 803, com genes maiores, deverão ser introduzidas nas estratégias de manejo da doença, uma vez que a durabilidade dessa resistência é duvidosa devido à grande variabilidade do patógeno (Godoy et al., 2009). O alelo que confere resistência às cultivares comerciais brasileiras não foi encontrado na literatura.

A hibridação pode ser utilizada para o desenvolvimento de novos cultivares de soja (Miyasaka e Silva, 1958; Sedyama et al., 2005). Com cruzamentos entre genitores geneticamente distintos, são desenvolvidas populações com variabilidade genética, o que possibilita a aplicação de métodos apropriados de avaliação e seleção de características superiores (Borém et al., 2009). Por isso, o conhecimento sobre a reação de cultivares quanto à resistência à FAS é importante na seleção e identificação de genitores para blocos de cruzamentos. Neste contexto, estudos de diversidade genética têm sido empregados nas etapas iniciais do programa de melhoramento porque possibilitam a identificação de genitores potenciais para desenvolvimento de genótipos superiores (Cruz et al., 2004).

A identificação de genótipos com fontes de resistência horizontal (quantitativa) pode ser útil para o desenvolvimento de cultivares resistentes e com maior longevidade (Koga et al., 2008). Os estudos da interação genótipos x ambientes, apesar de serem de grande importância no melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o desempenho de cada genótipo frente às variações ambientais

(Cruz et al., 2004). Outro estudo importante para o melhoramento de plantas é o da estimativa de parâmetros genéticos. A obtenção dessas estimativas é fundamental para identificar a natureza da ação dos diferentes genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2006). A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica atribuída à causa genética e o ganho de seleção pode ser estimado a partir do diferencial de seleção praticado e da herdabilidade do caráter (Cruz e Carneiro, 2006). Esses dois parâmetros são importantes em programas de melhoramento por possibilitar a predição do sucesso com a seleção. No entanto, são específicos para as condições experimentais nas quais os genótipos são analisados.

No caso de as avaliações de populações segregantes serem realizadas considerando a resistência como qualitativa (RB ou TAN), os estudos concentram-se na análise da segregação e de identificação de marcadores moleculares para emprego na seleção assistida. Entre os diferentes tipos de marcadores, o uso de microsatélites (SSR) tem eliminado a necessidade de cruzamentos geneticamente divergentes devido ao seu elevado polimorfismo, co-dominância, reprodutibilidade e boa distribuição (Ferreira e Grattapaglia, 1998; Song et al., 2004; Orf et al., 2004). Diversos trabalhos foram bem sucedidos na identificação e validação de marcadores microsatélites ligados a alelos de resistência da soja à FAS (Hyten et al., 2007; Monteros et al., 2007; Morceli et al., 2008; Silva et al., 2008; Chakraborty et al., 2009; Ray et al., 2009).

Nesse contexto, os objetivos foram:

- i. Analisar a reação, estimar o número de avaliações necessárias para determinar a diferença entre os materiais avaliados e estudar a diversidade genética de cultivares de soja em condições naturais de infecção da FAS;
- ii. Verificar a semelhança da mensuração de diversos caracteres da soja obtida em dois tipos de parcelas experimentais;
- iii. Determinar a eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja com diferentes reações à FAS, considerando os horários de cruzamentos;
- iv. Estimar a herdabilidade, o ganho por seleção e a média da população melhorada para caracteres relacionados com a resistência e caracteres fenotípicos, avaliados em

populações F<sub>2</sub> desenvolvidas a partir do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR;

- v. Estudar a segregação da população F<sub>2</sub> (do cruzamento entre TMG 803 e BRS Valiosa RR) à FAS e identificar marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência.

Para alcançar os objetivos propostos, os trabalhos foram realizados em quatro etapas (análise da reação das cultivares à FAS, hibridação, análise da população segregante e identificação de marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência). Essas etapas foram dispostas em três capítulos. No capítulo 1 foi realizada a análise da reação de cultivares de soja infectada com *P. pachyrhizi* em campo; no capítulo 2 estudou-se a eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja com diferentes reações à FAS e no capítulo 3 foram estimados os parâmetros em genótipos de soja, foi estudada a herança e efetuado o mapeamento genético da resistência da cultivar TMG 803 à *P. pachyrhizi*.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Aspectos gerais sobre a cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) é uma das culturas mais importantes do mundo. Os Estados Unidos são os maiores produtores de soja, seguidos por Brasil, Argentina, China e Índia (Wilcox, 2004; Sedyama et al., 2009).

No Brasil, a soja foi inicialmente produzida em escala comercial no Rio Grande do Sul, com o uso de cultivares norte-americanas adaptadas ao cultivo no sul dos EUA. Depois do sucesso no Rio Grande do Sul, a cultura se expandiu, mas ficou restrita aos estados do sul do Brasil e ao estado de São Paulo. Durante a década de 80, por causa do êxito obtido no melhoramento genético, a produção da soja se expandiu para as áreas do cerrado: Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás, Bahia e Maranhão (Wilcox, 2004). A área plantada com a soja no Brasil na safra de 2011/2012 é estimada em 24,63 milhões de hectares, isto é, 453,7 mil hectares a mais da área de cultivo da safra anterior. Estima-se uma produção de 71,75 milhões de toneladas, 3,57 milhões de toneladas a menos em relação à produção da safra de 2010/2011 (Conab, 2012).

O conhecimento da planta de soja é essencial para a compreensão do seu crescimento e desenvolvimento (Nogueira et al., 2009). Nesse contexto, Müller (1981), Sedyama et al. (1985), Lersten e Carlson (2004a), Lersten e Carlson (2004b) e Nogueira et al. (2009) descreveram raiz, caule, folha, flor, fruto, semente, tipo de crescimento e estádios de desenvolvimento (vegetativos e reprodutivos).

A adaptabilidade de cada cultivar varia à medida que se altera a latitude da área de plantio devido à sua sensibilidade ao fotoperíodo. Logo, as cultivares têm uma faixa limitada de adaptação. A divisão do país em faixas de latitude, em grupos de maturidade relativa (GMR), foi proposta inicialmente nos EUA (Embrapa, 2011b). Os GMRs predominantes em cada região do Brasil estão apresentados na Figura 1.



**Figura 1.** Grupos de maturidade relativa de cultivares de soja no Brasil, em quatro latitudes. Adaptado de: Alliprandini et al. (2009) e Embrapa (2011b).

## 2.2. Doenças da cultura da soja

As doenças podem provocar reduções anuais estimadas em aproximadamente 15% a 20% da produção. Algumas podem ocasionar perdas de até 100% (Embrapa, 2011). Entre as doenças da soja que limitam a produtividade, destaca-se a ferrugem asiática da soja (FAS), causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow (Costa et al., 2008; Dhingra et al., 2009; Henning et al., 2010; Embrapa, 2011).

## 2.3. Ferrugem Asiática da Soja (FAS)

A FAS foi relatada no Brasil pela primeira vez na safra de 2000/2001, no Paraná. Em 2002, a doença já estava disseminada em 60% da área de cultivo do país e em 90% no ano seguinte (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2004/2005, ela foi observada em praticamente todas as regiões produtoras, com exceção de Roraima (Henning e Godoy, 2006). De acordo com Smiderle (2010), Roraima ainda está isento da referida doença.

O método de controle da doença utilizado extensivamente é o químico. A sua utilização deve ser feita de maneira racional para não inviabilizar o empreendimento e agredir o ambiente (Godoy e Canteri, 2004). O uso indiscriminado desses defensivos agrícolas, associado à monocultura, pode trazer sérias consequências e resultar no desenvolvimento de tolerância do fungo aos fungicidas utilizados (Yorinori et al., 2004). Por isso, tem-se utilizado a combinação de várias estratégias para controlar o desenvolvimento do patógeno (Dhingra et al., 2009; Henning et al., 2010). O uso de variedades resistentes é um método eficiente no controle da FAS (Zambolim, 2006). Entretanto, a variabilidade do patógeno tem dificultado o desenvolvimento de tais variedades (Oliveira et al., 2005; Arias et al., 2010). A existência de variabilidade entre isolados de *P. pachyrhizi* foi estudada e comprovada (Soares et al., 2009a; Soares et al., 2009b; Yamanaka et al., 2010; Ray et al., 2011; Kendrick et al., 2011).

Cultivares resistentes estão disponíveis para algumas regiões do Brasil. No entanto, devido à variabilidade do patógeno, é recomendado a utilização do controle químico, pelo menos uma vez, para que a resistência não seja quebrada (Henning et al., 2010).

No caso da FAS, cinco locos de resistência de efeito maior (*Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4* e *Rpp5*) foram identificados (Bromfield e Hartwig, 1980; McLean e Byth, 1980; Bromfield e Melching, 1982; Hartwig, 1986; Garcia et al., 2008). No loco *Rpp1*, foram identificados alelos de resistência alternativos, *Rpp1?* e *Rpp1-b* (Chakraborty et al., 2009; Ray et al., 2009). Informações sobre genótipos, locos, alelos de resistência e as respectivas referências estão na Tabela 1.

**Tabela 1.** Informações de genótipos, locos e alelos de resistência relacionados ao controle genético da soja à ferrugem asiática

Genótipos	Loco	Alelos de resistência	Referências
PI 200492	<i>Rpp1</i>	<i>Rpp1</i>	McLean e Byth (1980)
PI 594538A	<i>Rpp1</i>	<i>Rpp1-b</i>	Chakraborty et al. (2009)
PI 587886	<i>Rpp1</i>	<i>Rpp1?</i> <sup>a</sup>	Ray et al. (2009)
PI 587880A	<i>Rpp1</i>	<i>Rpp1?</i> <sup>a</sup>	Ray et al. (2009)
PI230970	<i>Rpp2</i>	<i>Rpp2</i>	Bromfield e Hartwig (1980)
PI462312	<i>Rpp3</i>	<i>Rpp3</i>	Bromfield e Melching (1982)
‘Hyyuga’	<i>Rpp3</i> <sup>d</sup>	<i>Rpp?</i> (Hyyuga)	Monteros et al. (2007)
PI459025	<i>Rpp4</i>	<i>Rpp4</i>	Hartwig (1986)
PI 200456	<i>Rpp5</i>	<i>Rpp5</i>	Garcia et al. (2008)
PI 200526	<i>Rpp5</i>	<i>Rpp5</i>	Garcia et al. (2008)
PI 200487	<i>Rpp5</i>	<i>Rpp5</i>	Garcia et al. (2008)
PI 471904	<i>Rpp5</i>	<i>Rpp5</i>	Garcia et al. (2008)
PI 200456		Alelo recessivo	Calvo et al. (2008)
PI 224270		Alelo recessivo	Calvo et al. (2008)
PI 200487		<i>Rpp?</i> <sup>b</sup>	Pierozzi et al. (2008)
PI 200526		<i>Rpp?</i> <sup>b</sup>	Pierozzi et al. (2008)
BR01-18437		<i>rpp?</i> <sup>c</sup>	Pierozzi et al. (2008)

<sup>a</sup>Ray et al. (2009); <sup>b</sup>Diferente de *Rpp2* até *Rpp4*; <sup>c</sup>Diferente de *Rpp2* até *Rpp4* e do gene maior dominante da PI 200487 e da PI 200526; <sup>d</sup>Kendrick et al. (2011).

Diversos estudos identificaram marcadores microssatélites ligados a genes de resistência da soja à FAS (Tabela 2). Os marcadores moleculares identificados e validados nas populações podem ser utilizados na seleção assistida com o intuito de identificar os alelos de resistência e fixar os genótipos homocigóticos em poucos ciclos de seleção.

No Brasil, seis cultivares de soja com resistência à FAS já foram lançadas no mercado. A TMG 801, a TMG 803, a TMG 7188 RR, a TMG 7161 RR e a TMG 7262 RR foram lançadas pela Fundação MT e parceiros (Fundação MT, 2011). A BRSGO 7560 foi lançada pela Embrapa e parceiros (Souza et al., 2009). Além dessas, as cultivares UFUS 8011, UFUS 8710 (Impacta) e UFUS Milionária são consideradas tolerantes à FAS (UFU-PMGS, 2012). As cultivares BRSGO 7560, TMG 801 e TMG

803, com gene de efeito principal, deverão ser introduzidas nas estratégias de manejo da doença, uma vez que a durabilidade dessa resistência é duvidosa devido à grande variabilidade do patógeno (Godoy et al., 2009). O alelo que confere resistência às cultivares comerciais brasileiras não foi encontrado na literatura.

**Tabela 2.** Marcadores moleculares SSR ligados ou muito próximos a alelos de resistência, com informações adicionais de fontes de resistência, distância do marcador até o alelo e do grupo de ligação

Fontes de resistência	Alelos	Marcadores (SSR)	Distâncias (cM)	G.L.	Referências
PI 200492	<i>Rpp1</i>	[ Sat_064 Sct_187	0,4 0,4	G	Hyten et al. (2007)
PI 587886	<i>Rpp1?</i>	[ Satt191 Sat_372	10,9 19,3	G	Ray et al. (2009)
PI 587880A	<i>Rpp1?</i>	[ Satt191 Sat_372	8,6 22,2	G	Ray et al. (2009)
PI 594538A	<i>Rpp1-b</i>	[ Sat_064 <sup>1</sup> Sat_372 <sup>1</sup>	0,7 0,3	G	Chakraborty et al. (2009)
PI230970	<i>Rpp2</i>	[ Sat_255 Satt620	7,3 5,6	J	Silva et al. (2008)
PI224270	<i>rpp2</i>	[ Satt215 Sat_361	4,3 4,7	J	Garcia et al. (2008)
PI462312	<i>Rpp3</i>	[ Satt460 Sat_263	0,5 0,9	C2	Hyten et al. (2009)
PI459025	<i>Rpp4</i>	[ Satt288 Satt191	2,8 31,3	G	Garcia et al. (2008)
PI 459025	<i>Rpp4</i>	[ Satt288 AF162283	1,9 12,8	G	Silva et al. (2008)
PI471904	<i>Rpp5</i>	[ Sat_275 Sat_280	0,6 3,6	N	Garcia et al. (2008)
PI471904	<i>Rpp5</i>	Sat_166	4,0	N	Garcia et al. (2008)
PI200526	<i>Rpp5</i>	[ Sat_275 Sat_280	4,5 6,3	N	Garcia et al. (2008)
PI200526	<i>Rpp5</i>	Sat_166	12,1	N	Garcia et al. (2008)
PI200526	<i>Rpp5</i>	Sat_166	9,0	N	Morceli et al. (2008)
PI200456	<i>rpp5</i>	[ Sat_275 Sat_280	1,6 7,2	N	Garcia et al. (2008)
PI200456	<i>rpp5</i>	Sat_166	4,3	N	Garcia et al. (2008)
'Hyuuga'	<i>Rpp?(Hyuuga)</i>	[ Satt460 Satt307	0,8 2,4	C2	Monteros et al. (2007)

<sup>1</sup>Marcadores SSR obtidos na população de confirmação = [LD00-4970x(PI594538AxLoda)].

### 2.3.1. Efetividade da resistência

Para o desenvolvimento de linhagens de soja com tolerância e/ou resistência à FAS, pode-se utilizar diferentes métodos de condução de populações segregantes. Ribeiro et al. (2010) recomenda seleção de linhagens em gerações precoces para possibilitar a seleção natural, favorecendo os indivíduos mais adaptados e uma seleção mais eficiente com relação à discriminação de indivíduos.

Para a obtenção de cultivares com resistência durável, é importante conhecer aspectos de virulência e variabilidade do fungo. Devido a algumas características ainda pouco conhecidas do fungo *P. pachyrhizi*, metodologias precisam ser testadas, ou mesmo desenvolvidas, para caracterizar isolados de ferrugem presentes nas regiões onde o patógeno ocorre (Soares et al., 2009a).

Existe variabilidade entre isolados dentro de cada país e entre países, como Argentina, Brasil e Paraguai (Soares et al., 2009a). De acordo com esses autores, materiais com genes de resistência nos locos *Rpp2* e *Rpp4*, ainda considerados efetivos no Brasil, mostraram-se suscetíveis em alguns locais (Tabela 4). A PI 230970, com *Rpp2*, foi suscetível ao isolado de Londrina-PR (Embrapa Soja-CV), Senador Canedo-GO e Vilhena-RO. A PI 459025, com *Rpp4*, foi suscetível ao isolado de Passo Fundo-RS, Londrina-PR (Embrapa Soja-CV), Chapadão do Sul-MS e Senador Canedo-GO. No caso do isolado de Londrina, os materiais supracitados apresentam lesão RB, mas foram classificados como suscetíveis devido ao número de urédias por lesão e à quantidade de esporulação.

**Tabela 4.** Reação de genótipos de soja a isolados de *P. pachyrhizi* de diferentes locais do Brasil, safra de 2007/2008<sup>1</sup>

Genótipos	<i>Rpp</i>	Localidades do Brasil <sup>2</sup>						
		A	B	C	D	E	F	G
PI 200492	1	S	S	S	S	S	S	S
‘Tainung-4’	1	S	S	S	S	S	S	S
PI 230970	2	R	S	IM	R	R	S	S
PI 417125	2	S	S	S	R	R	S	S
PI 462312	3	S	S	S	S	S	S	S
PI 459025	4	S	S	R	R	S	S	R
‘Shiranui’	5	R	IM	R	R	R	R	R

<sup>1</sup>R: Resistente; IM: Intermediário; S: Suscetível. <sup>2</sup>Localidades: A: Passo Fundo-RS, B: Londrina-PR (Embrapa Soja-CV), C: Londrina-PR, D: Dourados-MS, E: Chapadão do Sul-MS, F: Senador Canedo-GO e G: Vilhena-RO. Fonte: Soares et al. (2009a).

Na Argentina, os isolados foram agressivos e tiveram pouca variabilidade. No Paraguai, onde sérias epidemias de ferrugem têm ocorrido, a variabilidade dos isolados parece ser grande, com isolado altamente agressivo, como o de Corpus Christi (Tabela 5).

**Tabela 5.** Reação de genótipos de soja a isolados de ferrugem de diferentes locais da Argentina e do Paraguai, safra de 2007/2008<sup>1</sup>

Genótipos	Rpp	Argentina <sup>2</sup>			Paraguai <sup>3</sup>			
		A	B	C	A	B	C	D
PI 200492	1	S	S	S	S	S	R	S
‘Tainung-4’	1	S	S	S	S	S	S	R
PI 230970	2	S	S	S	S	S	S	R
PI 417125	2	S	S	S	R	S	-	S
PI 462312	3	-	S	S	S	S	-	R
PI 459025	4	S	-	-	R	S	R	R
‘Shiranui’	5	R	S	S	S	R	R	R

<sup>1</sup>R: Resistente; S: Suscetível. Fonte: Soares et al. (2009a). <sup>2</sup>Argentina: A: Buenos Aires, B: Chaco e C: Formosa. <sup>3</sup>Paraguai: A: Pindoty Pora, B: Corpus Christi, C: Fortuna e D: San Albert.

A identificação de diferentes lesões em uma mesma folha sugere que há variabilidade dentro de uma amostra de *P. pachyrhizi*. (Miles et al., 2008; Soares et al., 2009a; Ray et al., 2011).

O uso de vários isolados de FAS, na avaliação da resistência da soja, foi enfatizado por Kendrick et al. (2011). No trabalho conduzido por Ray et al. (2009), foram avaliados cinco genótipos quanto a oito diferentes isolados, provenientes de sete locais (Taiwan, Zimbabwe, Índia, Hawaii-USA, Austrália, Luisiana-USA e Alabama-USA). A reação diferenciada de plantas do mesmo genótipo foi identificada quando inoculadas com esses isolados (Tabela 6).

**Tabela 6.** Reação (tipo de lesão) de cinco genótipos de soja inoculados com oito isolados de *P. pachyrhizi*<sup>1</sup>

Isolados de <i>P. pachyrhizi</i>	Fonte (Local)	Obtenção (Ano)	Williams 82 ( <i>rpp1</i> )	PI 200492 ( <i>Rpp1</i> ) <sup>a</sup>	PI 594538A ( <i>Rpp1-b</i> ) <sup>b</sup>	PI 587886	PI 587880A
TW72-1	Taiwan	1972	TAN	TAN	RB	RB	RB
ZM01-1	Zimbabwe	2001	TAN	TAN	RB	RB	RB
IN73-1	Índia	1973	TAN	RB <sup>c</sup>	RB	RB	RB
HW94-1	Hawaii, USA	1994	TAN	IR	RB	RB	RB
HW98-1	Hawaii, USA	1998	TAN	IR	RB	RB	RB
AU79-1	Australia	1979	TAN	RB <sup>c</sup>	RB	IR/RB	IR/RB
LA04-1	Louisiana, USA	2004	TAN	RB <sup>c</sup>	TAN	TAN	TAN
AL04-3	Alabama, USA	2004	TAN	TAN	RB	RB	RB

<sup>1</sup>TAN: lesão TAN, RB: lesão *Reddish-Brown* e IR: reação de imunidade (lesão não visível); <sup>a</sup>Fonte original de *Rpp1*; <sup>b</sup>*Rpp1-b* reportado por Chakraborty et al. (2008); <sup>c</sup>Foi observado lesão RB, mas a combinação deste genótipo-isolado usualmente produz reação de imunidade. Fonte: Ray et al. (2009).

Treze genótipos de soja foram avaliados quanto à resistência a três populações de fungos (uma proveniente do Japão e duas do Brasil) com base em quatro caracteres de resistência: frequência de lesões com urédias, número de urédias por lesão, frequência de urédias abertas e grau de esporulação (Figura 2). As populações brasileiras diferiram entre si quanto à virulência e em relação à população de isolados do Japão. A diferença mais significativa entre as três populações foi observada nos quatro genótipos que portam o alelo *Rpp1*. Apenas dois alelos de resistência, *Rpp4* (presente na variedade PI459025) e *Rpp5* (presente na variedade Shiranui), conferiram resistência às três populações de *P. pachyrhizi*. Foram identificadas também evidências de quebra de resistência da PI 230970 e da PI 417125, portadora de genes de efeito principal, em especial do *Rpp2* (Yamanaka et al., 2010).

Variedades padrões Populações de ferrugem da soja	<i>Rpp1</i>				<i>Rpp2</i>		<i>Rpp3</i>	<i>Rpp4</i>	<i>Rpp5</i>	<i>Rpp5</i> (Desconhecido)			
	1. PI200492	2. Tainung 4	3. PI587880A	4. PI587886	5. PI230970	6. PI417125	7. PI462312	8. PI459025	9. Shiranui	10. PI416764	11. PI587905	12. TK5	13. Wayne
População Japonesa de ferrugem (JRP)	HR	HR	I	SR	S	SR	HR	R	HR	HR	HR	S	S
População Brasileira de ferrugem (BRP-1)	S	S	S	S	R	R	S	R	R	(Mix)	S	S	S
População Brasileira de ferrugem (BRP-2)	S	S	S	S	S	S	SR	SR	SR	SR	(Mix)	S	S

**I** :Imunidade    **HR** :Altamente resistente    **R** :Resistente    **SR** :Moderadamente Resistente    **S** :Suscetível    **(Mix)** : 2 tipos de lesões misturadas

**Figura 2.** Fenótipos de resistência contra populações de ferrugem do Japão e do Brasil em 13 variedades padrões. 1-9: Variedades com gene de resistência já conhecidos; 10 e 11: Variedades identificadas como resistentes, mas ainda não foram identificados seus genes e 12 e 13: Variedades padrões suscetíveis. Adaptado de: Yamanaka et al. (2010).

### 2.3.2. Ciclo da *Phakopsora pachyrhizi*

O fungo *P. pachyrhizi* é um parasita biotrófico. Esse fungo é inteiramente dependente de células vivas para sobreviver, pois é de onde extrai os nutrientes essenciais para suas atividades vitais (Reis et al., 2006).

O ciclo da *P. pachyrhizi* está descrito em Reis et al. (2006), Zambolim (2006), Yorinori et al. (2010) e Tremblay (2011).

Os esporos, denominados uredósporos, são transportados pela corrente de ar e podem ser disseminados por quilômetros em poucos dias. Quando a germinação do uredósporo ocorre, um único tubo germinativo cresce sobre a superfície foliar até que se forma um apressório. Este se desenvolve sobre a parede celular ou através do centro das

células epidérmicas, mas raramente sobre os estômatos. A hifa de penetração atravessa a cutícula em vez de utilizar as aberturas naturais ou ferimentos no tecido foliar. Esse processo inicia-se com a formação de uma estrutura semelhante à de um funil no interior do apressório, denominado cone apressorial. Este cone passa transversalmente pela célula epidérmica do hospedeiro e alcança o espaço intercelular do parênquima paliçádico, onde se forma o primeiro septo, delimitando o tubo de penetração da hifa primária.

Quando o apressório se forma sobre o estômato, a hifa de penetração invade uma célula guarda, mas não através da abertura do estômato. A hifa primária se desenvolve entre as células do mesofilo, onde é formado o haustório. A formação do haustório é precedida pela formação da célula mãe-de-haustório, a qual é delimitada por um septo que a separa do micélio intercelular, contendo dois núcleos e pressionada contra a parede celular no ponto de penetração.

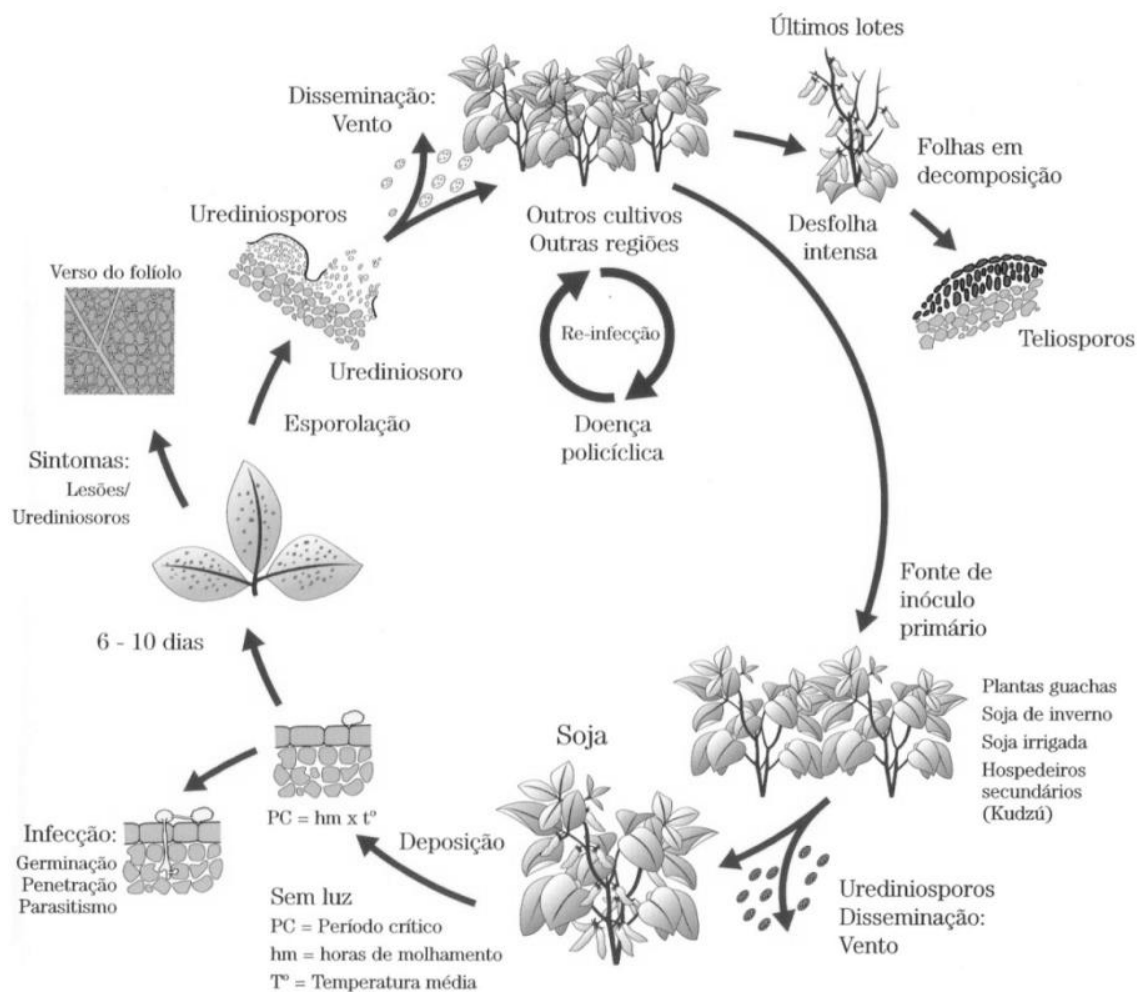
Os haustórios maduros apresentam a forma tubular. Essa nova estrutura de infecção é um órgão especializado que possibilita ao patógeno a obtenção de nutrientes do hospedeiro. Uma vez alcançado esse primeiro estágio com sucesso, hifas adicionais desenvolvem-se e estendem-se através do apoplasto onde muitos outros haustórios são formados. O crescimento das hifas é restringido pelas nervuras (os feixes vasculares maiores impedem o seu crescimento) formando lesões angulares.

A esporulação ocorre em uma célula esporogênica. Aos nove dias após a colonização, o primórdio uredial consiste de camadas compactas, formando uma estrutura semelhante a uma coluna, a qual se orienta na direção da abertura uredial. A primeira evidência da formação das urédias é a agregação de hifas, formando primórdio uredial, que são visíveis oito dias após a colonização. A produção de uredosporos inicia-se três ou quatro dias mais tarde através da abertura uredial, ou poro. Novas urédias podem formar-se até o vigésimo oitavo dia após a colonização. A urédia é formada no parênquima esponjoso, liberando esporos na superfície inferior da folha ou, ocasionalmente, no parênquima palissádico, esporulando no lado superior da folha (Reis et al., 2006; Zambolim, 2006; Yorinori et al., 2010; Tremblay, 2011).

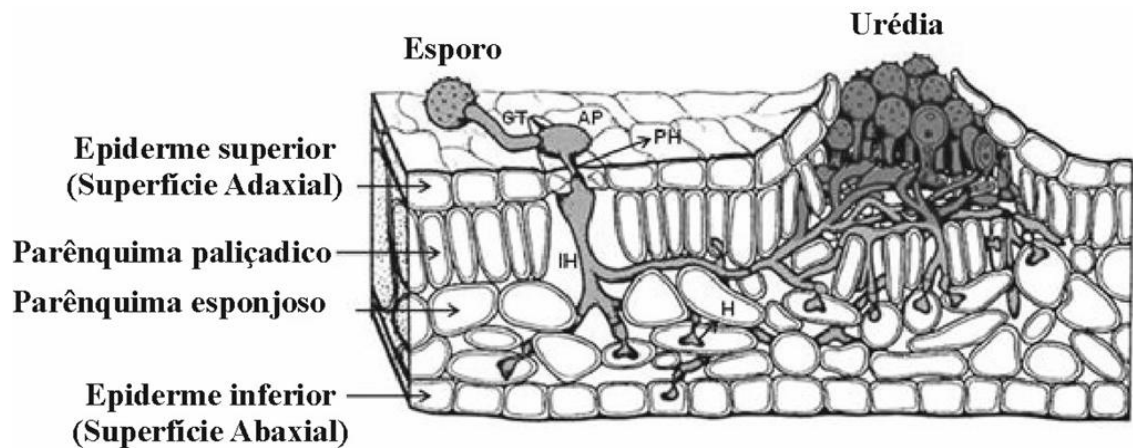
O ciclo (Figura 3) foi apresentado por Reis et al. (2006) e as estruturas internas de uma folha típica de eudicotiledônea mostrando diferentes camadas celulares e a infecção pelo fundo da ferrugem (Figura 4) foi apresentado por Hahn (2000) *Apud* Tremblay (2011).

Aproximadamente cinco dias após a colonização, ocorrem algumas necroses nas células da epiderme e do mesófilo que são visíveis sobre a superfície da folha como uma descoloração em mosaico amarelada (Tremblay, 2011).

O conhecimento sobre a influência das condições ambientais na epidemia de *P. pachyrhizi* na soja é necessário a pesquisas epidemiológicas e ao manejo da cultura para controle do patógeno. De acordo com Reis et al. (2006), o fator limitante que determina a ocorrência da doença deve ser o clima porque, se for favorável, o processo de estabelecimento e de desenvolvimento do patógeno pode resultar em perdas significativas. A ocorrência da FAS na Argentina, na Bolívia, no Brasil e no Paraguai não se limita à disponibilidade do inóculo, cuja presença ocorre em todos os meses do ano (Reis et al., 2006).



**Figura 3.** Ciclo da ferrugem da soja. Adaptado de: Reis et al. (2006).



**Figura 4.** Folha típica de eudicotiledônea com diferentes camadas celulares e a colonização pelo fungo da ferrugem. GT: tubo germinativo; AP: apressório; PH: hifa de penetração; IH: hifa de infecção; H: haustório. Adaptado de: Hahn (2000) *Apud* Tremblay (2011).

A dispersão dos uredósporos é realizada pelo vento, principalmente em dias secos e sem umidade nas folhas (Yorinori et al., 2010). Nessas condições, os esporos aderidos nas urédias de folhas infectadas são facilmente removidos pelo vento, o que pode ser dificultado com o molhamento foliar e na presença de chuva, pois os esporos podem ser removidos e levados ao solo (Reis et al., 2006). Uma vez removidos, transportados e depositados como inóculo inicial em folhas de plantas sem doença, é necessário a presença de água líquida na superfície da folha e temperatura favorável para a germinação dos uredósporos (Reis et al., 2006; Zambolim, 2006; Yorinori et al., 2010). De acordo com Tsukahara et al. (2008), o molhamento foliar é fundamental para a ocorrência da doença.

#### 2.4. Híbridaçã o artificial

A partir de cruzamentos entre genitores geneticamente distintos, são desenvolvidas populações com variabilidade genética, o que possibilita a aplicação de métodos apropriados de avaliação e seleção de características superiores (Borém et al., 2009). Os principais aspectos que devem ser considerados para otimizar o desenvolvimento de vagens provenientes de polinizações artificiais e produção de sementes híbridas são: habilidade do operador, ambiente, pragas, doenças e

sincronização de florescimento dos genitores (Johnson e Bernard 1963; Sedyama et al., 1981; Sedyama et al., 2005; Borém et al., 2009).

Na literatura, há poucas informações sobre a influência da umidade relativa e da temperatura do ar na obtenção de mais de vagens e de sementes híbridas.

## **2.5. Estudos em melhoramento de plantas com base em modelos biométricos**

A Biometria, fundamentada nos princípios da genética mendeliana, quantitativa e de populações, tem sido uma ciência indispensável por permitir a análise e o processamento de dados, bem como a interpretação de parâmetros e de fenômenos de natureza biológica, geralmente influenciados pelo ambiente (Cruz e Carneiro, 2006).

### *2.5.1. Diversidade genética*

A diversidade genética expressa a diferença entre frequências alélicas das populações. O seu estudo tem importância fundamental na escolha de cultivares a serem utilizadas como genitores (Falconer, 1981). Ao identificar genitores potenciais, propicia a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinação, possibilitando o aparecimento de genótipos transgressivos. A avaliação da diversidade genética pode ser realizada com base em caracteres agronômicos, morfológicos, moleculares, entre outros (Cruz e Carneiro, 2006).

Em programas de melhoramento, estudos de diversidade genética têm sido empregados nas etapas iniciais porque possibilitam a identificação de genitores potenciais para o desenvolvimento de genótipos superiores (Cruz et al., 2004). Foi observada variabilidade genética entre genótipos de soja infectados por FAS (Martins et al., 2007; Santos et al., 2007; Koga et al., 2008).

### *2.5.2. Herdabilidade e ganhos de seleção*

A herdabilidade pode ser definida como a fração da variabilidade fenotípica, que se espera ser transmitida aos descendentes, isto é, atribuída à causa genética (Johnson e Bernard, 1963; Falconer, 1981; Cruz et al., 2004). O seu papel preditivo expressa a confiabilidade do valor fenotípico como um guia para o valor genético,

porque somente o valor fenotípico pode ser diretamente mensurado. No entanto, é o valor genético que determina sua influência na próxima geração (Falconer, 1981). Quando se dispõe apenas dos dados das gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>, é possível estimar a herdabilidade no sentido amplo, porém, tendo-se conhecimento das variâncias das populações RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, pode-se estimar o componente de variância aditiva e, conseqüentemente, obter também a herdabilidade no sentido restrito (Cruz et al., 2004).

As estimativas de herdabilidade variam com a característica, o método de estimação, a diversidade e o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra avaliada, a unidade experimental considerada, a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (Borém e Miranda, 2009). Os caracteres, cuja herdabilidade é mais alta, permitem maior sucesso na seleção, de modo que é elevada a chance de se obter progênie superiores com indivíduos selecionados (Nogueira, 2011). A herdabilidade no sentido restrito, obtido em análise de populações segregantes de soja com resistência à FAS, variou de 23,1 % a 55,8%. Esses resultados indicaram possibilidade de sucesso com a seleção de indivíduos resistentes em gerações precoces de programas de melhoramento (Ribeiro et al., 2009).

O coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) é uma medida análoga à herdabilidade e expressa a variância fenotípica devida à variabilidade genética entre as médias dos tratamentos (Cruz, 2005).

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa ao melhoramento é a possibilidade de prever o avanço genético, conseguido pelo uso de técnicas seletivas. Informações sobre o ganho permitem avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento, bem como o êxito do material melhorado (Cruz et al., 2004). O ganho de seleção pode ser estimado para várias estratégias de seleção a partir do diferencial de seleção praticado e da herdabilidade do caráter. Deve ser ressaltado que o valor da herdabilidade a ser utilizada na expressão do ganho de seleção é aquele coerente com a estratégia adotada na seleção e recombinação (Cruz et al., 2004; Cruz e Carneiro, 2006).

### 2.5.3. Repetibilidade

A repetibilidade expressa o valor máximo que a herdabilidade pode atingir, pois expressa a proporção da variância fenotípica, que é atribuída às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes que atuam no cultivar ou progênie.

Assim, a repetibilidade, à semelhança da herdabilidade, é instrumento indispensável para orientar os trabalhos de melhoramento (Ferreira et al., 1999; Cruz et al., 2004).

Nos ensaios envolvendo genótipos avaliados periodicamente, é possível estimar os coeficientes de repetibilidade das variáveis estudadas, ou seja, a probabilidade de aquele resultado se repetir em avaliações futuras. Também pode-se estimar o número necessário de observações fenotípicas de um determinado caráter, que deve ser realizado em cada indivíduo para que a discriminação (ou seleção) entre os genótipos seja feita com certo grau de confiabilidade e com economia de tempo e mão de obra (Cruz et al., 2004). Além disso, esses autores afirmam que valores altos de índices de repetibilidade para determinado caráter indicam ser viável predizer o valor real do indivíduo utilizando-se um número relativamente pequeno de medições, mas ocorre o inverso quando a repetibilidade é baixa.

A análise da repetibilidade tem sido realizada na cultura da soja para diferentes caracteres (Matsuo et al., 2009, Storck et al., 2009, Cargnelutti Filho e Gonçalves, 2011, Matsuo et al., 2012).

#### 2.5.4. *Estabilidade fenotípica*

Estudos a respeito da interação genótipos x ambientes, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade que permitem a identificação de cultivares de comportamento previsível e responsável às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2004).

O método tradicional consiste na análise conjunta dos experimentos, considerando todos os ambientes e o posterior desdobramento da soma de quadrados dos efeitos de ambientes e da interação genótipos x ambientes, em efeitos de ambientes dentro de cada genótipo. A variação de ambiente dentro de cada genótipo é utilizada como estimativa da estabilidade de tal forma que o genótipo que proporcionar menor quadrado médio, nos vários ambientes, será considerado o mais estável (Cruz et al., 2004). Essa metodologia de análise de estabilidade fenotípica foi utilizada por Pereira et al. (1996) e Azevedo et al. (2005).

## **2.6. Marcadores Moleculares no melhoramento visando resistência a doenças**

A utilização de técnicas moleculares baseadas em análises de polimorfismo de fragmentos de DNA possibilitou a rápida proliferação do uso de marcadores moleculares em estudos básicos na genética vegetal como em programas de melhoramento genético (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

O desenvolvimento de cultivares comerciais com resistência a diferentes doenças pode ser realizado por transferência de genes desejáveis a partir da hibridação entre cultivares elites e fontes exóticas (Alzate-Marin et al., 2005) ou hibridações entre cultivares elites, sendo uma com o genótipo de interesse. A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), quando estreitamente ligada ao gene de resistência, pode ser de grande utilidade no processo de caracterização e seleção de genótipos resistentes nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento. Nas etapas finais, as inoculações ou a exposição da planta ao patógeno em campo são imprescindíveis para confirmar a seleção indireta feita inicialmente por meio dos marcadores (Alzate-Marin et al., 2005; Costa et al., 2008).

Em soja, como em outras culturas, marcadores moleculares de DNA vêm sendo utilizados com sucesso. Os microssatélites e os SNPs são os mais empregados nas análises de seleção e mapeamento de regiões genômicas associadas a genes e à QTLs. Os marcadores microssatélites são preferencialmente utilizados para mapear a resistência do hospedeiro a doenças de soja devido ao seu elevado polimorfismo, co-dominância, reprodutibilidade e boa distribuição em todo o genoma da soja (Song et al., 2004; Orf et al., 2004). O polimorfismo é a diferença de tamanhos de fragmentos amplificados. Em muitos casos, essas diferenças são de poucos pares de base, o que requer um sistema de detecção mais preciso. Nesses casos, os fragmentos são detectados em géis de poliacrilamida desnaturantes ou em sequenciadores automáticos (Schuster e Cruz, 2008).

A principal finalidade da SAM, no melhoramento vegetal, é auxiliar o melhorista na seleção de genótipos desejáveis com eficiência (Alzate-Marin et al., 2005, Orf et al., 2004). A SAM possibilita a redução do número de linhagens a serem avaliadas em casa de vegetação (Coincibido et al., 2004).

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alliprandini, L.F.; Abatti, C.; Bertagnolli, P.F.; Cavassim, E.; Gabe, H.L.; Kurek, A.; Matsuomoto, M.N.; Oliveira, M.A.R.; Pitol, C.; Prado, L.C.; Steckling, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, v.49, p.801-808, 2009.

Alzate-Marin, A.L.; Cervigni, G.D.L.; Moreira, M.A.; Barros, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.4, p.333-342, 2005.

Arias, C.A.A.; Rachid, B.F.; Moreira, J.U.V.; Soares, R.M.; Oliveira, M.F.; Kaster, M.; Carneiro, G.E.S.; Carrão-Panizzi, M.C.; Pereira, M.J.Z.; Melo Filho, O.L.; Farias Neto, A.L.; Abdélnoor, R.V.; Brogin, R.L.; Fronza, V.; Bertagnolli, P. Desenvolvimento de cultivares de soja resistentes à Ferrugem-asiática. In: **Reunião de pesquisa de soja da região central do Brasil**, 31., 2010, Brasília. Ata. Londrina: Embrapa Soja, 2010. p.71-79. (Embrapa Soja. Documentos, 324).

Azevedo, P.H.; Azevedo, V.H.; Sedyama, T.; Reis, M.S.; Teixeira, R.C.; Cecon, P.R. Estabilidade de genótipos de soja quanto ao oídio (*Microsphaera diffusa*). **Bioscience Journal**, v.21, n.1, p.27-34, 2005.

Borém, A.; Almeida, L.A.; Kiihl, R.A.S. Hibridação em soja. In: Borém, A. (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**. 2.ed., Viçosa: Editora UFV, 2009, p.514-536.

Borém, A.; Miranda, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5.ed., Viçosa: Editora UFV, 529p., 2009.

Bromfield, K.R.; Hartwig, E.E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, v.20, p.254-255, 1980.

Bromfield, K.R.; Melching, J.S. Sources of specific resistance to soybean rust. **Phytopatology**, v.72, p.706, 1982.

Calvo, E.S.; Kiihl, R.A.S.; Garcia, A.; Harada, A.; Hiromoto, D.M. Two major recessive soybean genes conferring soybean rust resistance. **Crop Science**, v.48, p.1350-1354, 2008.

Cargnelutti Filho, A.; Gonçalves, E.C.P. Estimativa do número de repetições para a avaliação de caracteres de produtividade e de morfologia em genótipos de soja. **Comunicata Scientiae**, v.2, n.1, p.25-33, 2011.

Chakraborty, N.; Curley, J.; Frederick, R.D.; Hyten, D.L.; Nelson, R.L.; Hartman, G.L.; Diers, B.W. Mapping and confirmation of a new allele at *Rpp1* from soybean PI 594538A conferring RB lesion-type resistance to soybean rust. **Crop Science**, v.49, p.783-790, 2009.

CONAB [Companhia Nacional do Abastecimento]. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos**. Quarto levantamento. Conab: Brasília-DF, janeiro, 2012. Disponível

em: < [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_01\\_10\\_10\\_53\\_02\\_bole tim\\_graos\\_4o\\_levantamento.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_10_10_53_02_bole tim_graos_4o_levantamento.pdf)> Acesso em: 20 de janeiro de 2012.

Concibido, V.C.; Diers, B.W.; Arelli, P.R. A decade of QTL mapping for cyst nematode resistance in soybean. **Crop Science**, v.44, p.1121-1131, 2004.

Costa, M.M.; Unêda-Trevisoli, S.H.; Pinheiro, J.B.; Kiihl, R.A.S.; Calvo, E.S.; Di Mauro, A.O. Marcadores RAPD para detecção de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.12, p.1733-1739, 2008.

Cruz, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. 1.ed., v.1, Viçosa: Editora UFV, 394p., 2005.

Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed., v.2, Viçosa: Editora UFV, 585p., 2006.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed., v.1, Viçosa: Editora UFV, 480p., 2004.

Dhingra, O.D.; Mendonça, H.L.; Macedo, D.M. Doenças e seu controle. In: Sedyama, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Editora Mecnas, 2009, p.133-155.

Embrapa [Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária]. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil – 2012-2013**. Londrina: Embrapa Soja, 262p., 2011.

Embrapa [Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária]. **Programa soja livre: cultive sua liberdade de escolha**. Cultivares de soja convencionais: Mato Grosso, safra 2010/2011. Londrina: Embrapa Soja, 31p., 2011b.

Falconer, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M.A.; Silva, J.C. Viçosa: Editora UFV, 279p., 1981.

Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. **Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético**. 1.ed. Brasília: Embrapa Cenargem, 220p., 1998.

Ferreira, R.P.; Botrel, M.A.; Pereira, A.V.; Cruz, C.D. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.6, p.994-1002, 1999.

FUNDAÇÃO MT. **Boletim de Pesquisa de Soja – 2011**. Cuiabá: Fundação MT, 492p., 2011.

Garcia, A.; Calvo, E.S.; Kiihl, R.A.S.; Harada, A.; Hiromoto, D.M.; Vieira, L.G.E. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.545-553, 2008.

Godoy, C.V.; Canteri, M.G. Efeito da severidade de oídio e crestamento foliar de cercospora na produtividade da cultura da soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.29, p.526-531, 2004.

Godoy, C.V.; Flausino, A.M.; Santos, L.C.M.; Del Ponte, E.M. Eficiência do controle da ferrugem-asiática da soja em função do momento de aplicação sob condições de epidemias em Londrina, PR. **Tropical Plant Pathology**, v.34, n.1, p.056-061, 2009.

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

Henning, A.A.; Almeida, A.M.R.; Godoy, C.V.; Seixas, C.D.S.; Yorinori, J.T.; Costamilan, L.M.; Ferreira, L.P.; Meyer, M.C.; Soares, R.M.; Dias, W.P. **Manual de identificação de doenças de soja**. 4.ed. Londrina: Embrapa Soja, 74p., 2010.

Henning, A.A.; Godoy, C.V. Situação da ferrugem da soja no Brasil e no Mundo. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.1-14.

Hyten, D.L.; Hartman, G.L.; Nelson, R.L.; Frederick, R.D.; Concibido, V.C.; Narvel, J.M.; Cregan, P.B. Map location of the *Rpp1* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, v.47, p.837-838, 2007.

Hyten, D.L.; Smith, J.R.; Frederick, R.D.; Tucker, M.L.; Song, Q.; Cregan, P.B. Bulked segregant analysis using the goldengate assay to locate the *Rpp3* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, v.49, p.265-271, 2009.

Johnson, H.W.; Bernard, R.L. Soybean genetics and breeding. In: Norman, A.G. (Ed.) **The soybean**. New York: Academic Press Inc., 1963, p.1-73.

Kendrick, M.D.; Harris, D.K.; Ha, B.K.; Yyten, D.L.; Cregan, P.B.; Frederick, R.D.; Boerma, H.R.; Pedley, K.R. Identification of a second Asian Rust resistance gene in Hyuuga soybean. **Phytopathology**, v.101, n.5, p.535-543, 2011.

Koga, L.J.; Canteri, M.G.; Calvo, E.S.; Unfried, J.R.; Garcia, A.; Harada, A.; Kiihl, R.A.S. Análise multivariada dos componentes da resistência à ferrugem-asiática em genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.10, p.1277-1286, 2008.

Lerster, N.R.; Carlson, J.B. Reproductive morphology. In: Boerma, H.R.; Specht J.E. (Eds) **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3.ed. Madison: American Society of Agronomy Inc., Crop Science of America Inc., and Soil Science Society of America Inc. (Publishers), 2004a, p.59-95.

Lerster, N.R.; Carlson, J.B. Vegetative morphology. In: Boerma, H.R.; Specht J.E. (Eds) **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3.ed. Madison: American Society of Agronomy Inc., Crop Science of America Inc., and Soil Science Society of America Inc. (Publishers), 2004b, p.15-57.

MAPA [Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento]. 2011. **Exportações**. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/exportacao> > Acesso em: 01 de novembro de 2011.

Martins, J. A. S.; Juliatti, F. C.; Santos, V. A.; Polizel, A. C.; Juliatti, F. C. Período latente e uso da análise de componentes principais para caracterizar a resistência parcial à ferrugem da soja. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.4, p.364-371, 2007.

Matsuo, É., Sedyama, T.; Cruz, C.D.; Oliveira, R.C.T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, v.42, n.2, p.189-196, 2012.

Matsuo, É.; Sedyama, T.; Cruz, C.D.; Silva, A.A.; Oliveira, R.C.T.; Nogueira, A.P.O.; Tancredi, F.D. Resistência de genótipos de soja ao herbicida glyphosate. **Planta Daninha**, v.27, p.1063-1073, 2009.

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

Miles, M.R.; Morel, W.; Ray, J.D.; Smith, J.R. Frederick, R.D.; Hartman, G.L. Adult plant evaluation of soybean accessions for resistance to *Phakopsora pachyrhizi* in the field and greenhouse in Paraguay. **Plant Disease**, v.92, p.96-105, 2008.

Miyasaka, S.; Silva, J.G. Melhoramento da Soja II: Melhoramento por hibridação. **Bragantia**, v.17, n.16, p.213-224, 1958.

Monteros, M.J.; Missaoui, A.M.; Phillips, D.V.; Walker, D.R.; Boerma, H.R. Mapping and confirmation of the 'Hyyuga' red-brown lesion resistance gene for Asian soybean rust. **Crop Science**, v.47, p.829-834, 2007.

Morceli, T.G.S.; Trevisoli, S.H.U; Morceli Junior, A.A.; Kiihl, R.A.S.; Calvo, E.S.; Di Mauro, A.O.; Garcia, A. Identificação e validação de marcadores microssatélites ligados ao gene Rpp5 de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.11, p.1525-1531, 2008.

Müller, L. Taxonomia e morfologia. In: Miyasaka, S.; Medina, J.C. (Eds.). **A soja no Brasil**. 1.ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981, p.65-104.

Nogueira, A.P.O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Tese de doutorado (Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa), 126p. 2011.

Nogueira, A.P.O.; Sedyama, T.; Barros, H.B.; Teixeira, R.C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: Sedyama, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009, p.7-16.

Oliveira, A.C.B.; Godoy, C.V.; Martins, M.C. Avaliação da tolerância de cultivares de soja à ferrugem-asiática no Oeste da Bahia. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.6, p.658-662. 2005.

Orf, J.H.; Diers, B.W.; Boerma, H.R. Genetic improvement: conventional and molecular-based strategies. In: Boerma, H.R.; Specht J.E. (Eds) **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3. ed. Madison: American Society of Agronomy Inc., Crop Science of America Inc., and Soil Science Society of America Inc. (Publishers), 2004, p.417-450.

Pereira, D.G.; Sedyama, T.; Cruz, C.D.; Gomes, J.L.L.; Teixeira, R.C. Análise de estabilidade fenotípica de cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em relação a diferentes isolados de *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*. **Revista Ceres**, v.43, n.250, p.743-754, 1996.

Pierozzi, P.H.B.; Ribeiro, A.S.; Moreira, J.U.V.; Laperuta, L.D.C.; Rachid, B.F.; Lima, W.F.; Arias, C.A.A.; Oliveira, M.F.; Tolero, J.F.F. New soybean (*Glycine max* Fabales, Fabaceae) sources of qualitative genetic resistance to Asian soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* (Uredinales, Phakopsoraceae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, n.2, p.505-511, 2008.

Ray, J.D.; Morel, W.; Smith, J.R.; Frederick, R.D.; Miles, M.R. Genetics and mapping of adult plant rust resistance in soybean PI 587886 and PI 587880A. **Theoretical and Applied Genetics**, v.119, p.271-280, 2009.

Ray, J.D.; Smith, J.R.; Morel, W.; Bogado, N.; Walker, D.R. Genetic resistance to soybean rust in PI567099A is at or near the *Rpp3* locus. **Journal of Crop Improvement**, v.25, n.3, p.219-231, 2011.

Reis, E.M.; Bresolin, A.C.R.; Carmona, M. **Doenças da soja I: Ferrugem-asiática**. Passo Fundo: Passo Fundo Editora, 48p., 2006.

Ribeiro, A.S.; Toledo, J.F.F.; Ramalho, M.A.P. Selection strategies of segregant soybean populations for resistance to Asian rust. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.11, p.1452-1459, 2009.

Ribeiro, N.R.; Dias, W.P.; Santos, J.M. Distribuição de fitonematoides em regiões produtoras de soja do estado do Mato Grosso. In: Hiromoto, D.M.; Caju, J.; Camacho, S.A. (Eds.) **Boletim de pesquisa de soja 2010**. n.14, Cuiabá: Fundação MT, 2010, p.289-296.

Santos, J.A.; Juliatti, F.C.; Santos, V.A.; Polizel, A.C. Caracteres epidemiológicos e uso da análise de agrupamento para resistência parcial à ferrugem da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3, p.443-447, 2007.

Schuster, I.; Cruz, C.D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2008, 568p.

Sediyama, T.; Almeida, L.A.; Miyasaka, S.; Kiihl, R.A.S. Genética e Melhoramento. In: Miyasaka, S.; Medina, J.C. (Eds.) **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981, p.209-226.

Sediyama, T.; Pereira, M.G.; Sediyama, C.S.; Gomes, J.L.L. **Cultura da soja – Parte I**. Viçosa: Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 96p., 1985.

Sediyama, T.; Teixeira, R.C.; Barros, H.B. Origem, evolução e importância econômica. In: Sediyama, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Editora Mecenaz, 2009, p.1-5.

Sediyama, T.; Teixeira, R.C.; Reis, M.S. Melhoramento da Soja. In: Borém, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2.ed., Viçosa: Editora UFV, 2005, p.551-603.

Silva, D.C.G.; Yamanaka, N.; Brogin, R.L.; Arias, C.A.A.; Nepomuceno, A.L.; Di Mauro, A.O.; Pereira, S.S.; Nogueira, L.M.; Passianoto, A.L.L.; Abdelnoor, R.V. Molecular mapping of two *loci* that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.57-63, 2008.

Smiderle, O.J. Relatos por Estado sobre o comportamento da cultura de soja na safra 2010/2011 – Estado de Roraima. In: **Ata da XXXI Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 325p., 2010. (Documento n.324).

Soares, R.M.; Akamatsuo, H.; Yamanaka, N.; Suenaga, K.; Yamaoka, Y. Ivancovich, A.; Morel, W.; Janegitz, T. Variabilidade patogênica do fungo *Phakopsora pachyrhizi*. Parte I - Projeto Ferrugem da Soja JIRCAS/Embrapa Soja/CRIA/INTA/Tsukuba University. In: **Resumos da Reunião do Consórcio Antiferrugem Safra 2008-09**. Londrina: Embrapa Soja, 2009a, p.93-101. (Documento n.315).

Soares, R.M.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Costamilan, L.M.; Roesse, A.D.; Junes Jr., J.; Pimenta, C.B.; Martins, M.C.; Farias Neto, A.L.; Morel, W.; Gilli, J.; Lenzi, L.; Lucia, A.; Condori, M.; German, S.; Alonzo, M.J.R. Variabilidade patogênica do fungo *Phakopsora pachyrhizi*. Parte II - Projeto Southnomics - Plataforma para estresses bióticos e abióticos em culturas. In: **Resumos da Reunião do Consórcio Antiferrugem Safra 2008-09**. Londrina: Embrapa Soja, 2009b, p.103-113. (Documento n.315).

Song, Q.J.; Marek, L.F.; Shoemaker, R.C.; Lark, K.G.; Concibido, V.C.; Delannay, X.; Specht, J.E.; Cregan, P.B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.122-128, 2004.

Souza, P.I.M.; Toledo, J.F.F.; Moreira, C.T.; Farias Neto, A.L.; Abud, S.; Arantes, N.E.; Mello Filho, O.L.; Carneiro, G.E. De S.; Monteiro, P.M.F.O.; Arias, C.A.A.; Kaster, M.; Oliveira, M.F.; Pípolo, A.E.; Brogin, R.L.; Nunes Júnior, J. Abdelnoor, R.V.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Andrade, P.J.M.; Carrão-Panizi, M.C.; Dias, W.P.; Moreira, J.U.V.; Neiva, L.C.S.; Nunes, M.R.; Seii, A.H.; Silva, L.O.; Silva, N.S.; Teixeira, R.N.; Soares, R.M.; Toledo, R.M.C.P.; Vieira, N.E. BRSGO 7560: Primeira cultivar de soja resistente à ferrugem-asiática indicada pela Embrapa e parceiros. In: **V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009**, 2009, Goiânia - GO. Anais do V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009, 2009

Storck, L.; Cargnelutti Filho, A.; Lúcio, A.D.C.; Lopes, S.J. Método de Papadakis e número de repetições em experimentos de soja. **Ciência Rural**, v.39, n.4, p.977-982, 2009.

Tremblay, A. Soybean rust: five years of research. In: Sudaric, A. (Ed.) **Soybean – molecular aspects of breeding**. Hard cover, Published by InTech, 2011, p.293-334.

Tsukahara, R.Y.; Hikishima, M.; Canteri, M.G. Relações entre o clima e o progresso da ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) em duas micro-regiões do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v.29, n.1, p.47-52, 2008.

UFU-PMGS [Universidade Federal de Uberlândia – Programa Melhoramento de Soja]. **Cultivares**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>>. Acesso em: 18 de janeiro de 2012.

Wilcox, J.R. World distribution and trade of soybean. In: Boerma, H.R.; Specht J.E. (Eds) **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3. ed. Madison: American Society of Agronomy Inc., Crop Science of America Inc., and Soil Science Society of America Inc. (Publishers), 2004, p.1-14.

Yamanaka, N.; Yamaoka, Y.; Kato, M.; Lemos, N.G.; Passianotto, A.L.L.; Santos, J.V.M.; Benitez, E.R.; Abdelnoor, R.V.; Soares, R.M.; Suenaga, K. Development of classification criteria for resistance to soybean rust and differences in virulence among Japanese and Brazilian rust populations. **Tropical Plant Pathology**, v.35, n.3, p.153-162, 2010.

Yorinori, J.T.; Nunes Junior, J.; Lazzarotto, J.J. **Ferrugem “asiática” da soja no Brasil: evolução, importância econômica e controle**. Londrina: Embrapa Soja, 36p. 2004. (Documentos 247).

Yorinori, J.T.; Paiva, W.M.; Frederick, R.D.; Costamilan, L.M.; Bertagnoli, P.F.; Hartman, G.L.; Godoy, C.V.; Nunes, J.J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease**, v.89, p.675-677, 2005.

Yorinori, J.T.; Yuyama, M.M.; Siqueri, F.V. Doenças da soja. In: Hiromoto, D.M.; Caju, J. Camacho, S.A. (Eds.) **Boletim de pesquisa de soja 2010**. n.14, Rondonópolis: Fundação MT, 2010, p.218-275.

Zambolim, L. Manejo integrado da ferrugem-asiática da soja. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.73-98.

## **Capítulo 1**

# **REAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA INFECTADAS POR FERRUGEM ASIÁTICA**

## RESUMO

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Reação de cultivares de soja infectadas por ferrugem-asiática**. Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

A análise da reação de cultivares infectadas por ferrugem asiática é atividade importante no melhoramento genético de soja. Por isso, objetivou-se analisar a reação, estimar o número de avaliações necessárias para se determinar a diferença entre as cultivares, estudar a diversidade genética entre cultivares e verificar a semelhança dos resultados de diversos caracteres da soja obtidos em duas parcelas experimentais. Avaliaram-se as cultivares TMG 801, TMG 803, BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR, NK 7059 RR e BRSGO 7560 em dois experimentos (1 e 2) em campo, na safra de 2009/10 e de 2010/11, sob dois manejos (sem e com controle do patógeno com fungicida). No experimento 1, empregou-se o delineamento inteiramente causalizado, com três repetições, no esquema fatorial (cultivares x manejos) de acordo com *Hill Plot Design*. No experimento 2, empregou-se o delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições, no esquema fatorial simples (cultivares x manejos) de acordo com *Row Plot Design*. Foram avaliados caracteres agrônômicos e os relacionados com a resistência. Os dados foram submetidos à análise de variância univariada, ao teste de Tukey, análise de regressão, de estabilidade fenotípica, de repetibilidade, de diversidade genética, de correção e estimados parâmetros experimentais e genéticos. As cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 foram as mais resistentes à FAS, apresentaram desempenho semelhante entre si, para a maioria dos caracteres analisados e dissimilaridade de 70% em comparação com as demais cultivares. As avaliações da maioria dos caracteres de soja em duas parcelas experimentais apresentaram boa concordância e alta correlação fenotípica. Conclui-se que as cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram reação de resistência; quatro avaliações foram suficientes para prever o grau de resistência das cultivares; existe variabilidade genética entre as cultivares e foram identificados genitores potenciais para serem utilizadas em programas de melhoramento e a área abaixo da curva da ferrugem no folíolo mais infectado, o número de sementes, o peso de sementes e o peso de 100 sementes apresentaram resultados semelhantes nas parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*).

## ABSTRACT

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Analysis of the reaction of cultivars naturally infected with Asian soybean rust.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

The analysis of the reaction of cultivars infected by Asian rust is an important activity in the soybean breeding. Therefore, our objective was to analyze the reaction, estimate the number of evaluations needed to determine differences among cultivars, study genetic diversity among cultivars and verify the results similarity of several soybean characters obtained in two experimental parcels. It was evaluated the cultivars TMG 801, TMG 803, BRS Valuable RR, Aquamarine RR, NK 7059 RR and BRSGO 7560 RR, in two experiments (1 and 2) at field, in 2009/10 and 2010/11 crops under two cropping systems (with and without the pathogen control with fungicide). In experiment 1, it was used the delineation completely randomized, with three replications, in the factorial scheme (cultivars x cropping systems), according to Hill Plot Design. In experiment 2, it was used the delineation in randomized parts, with five replicates, in the simple factorial scheme (cultivars x cropping systems), according to Row Plot Design. It was evaluated agronomic characters and those ones that are related to the resistance. Data were analyzed by univariate variance, by Tukey test, regression analysis, phenotypic stability, repeatability, genetic diversity, correction and genetic and experimental estimated parameters. Cultivars TMG 801, TMG 803 and BRSGO 7560 were the most resistant to ASR, they showed similar performance together, for the most characters analyzed and dissimilarity of 70% compared to the other cultivars. Evaluations of most soybeans characters in two experimental parcels showed good concordance and high phenotypic correlation. It was concluded that cultivars TMG 801, TMG 803 and BRSGO 7560 showed resistance reaction; four evaluations were sufficient to predict the degree of cultivars resistance; there is genetic variability among cultivars and it was identified potential genitors to be used in breeding programs; the area under the rust curve in most infected leaflet, number of seeds, seeds weight and and the weight of 100 seeds showed similar results in the experimental parcels (Hill plot and Design Design).

## 1. INTRODUÇÃO

No Brasil, a estimativa de produção de soja [*Glycine max* (L.) Merr.] para a safra de 2011/2012 é de 71,75 milhões de toneladas em 24,63 milhões de hectares, resultando em produtividade média de 2.913 kg.ha<sup>-1</sup> (Conab, 2012). Na última década, a ferrugem asiática da soja (FAS), causada pelo fungo *Phakopsora pachyrhizi* (Sydow & Sydow), foi um dos principais fatores limitantes para que o Brasil pudesse aumentar a eficiência da cadeia produtiva da soja e melhorar sua posição econômica no âmbito internacional (Arias et al., 2010). Em 2002, o patógeno estava disseminado em 60% da área de cultivo do país e em 90% no ano seguinte (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2004/2005, a doença foi relatada em todas as regiões produtoras, com exceção de Roraima (Henning e Godoy, 2006). De acordo com Smiderle (2010), Roraima ainda está isento da ferrugem asiática. Na safra de 2001/2002, as perdas foram estimadas em US\$ 125 milhões, na de 2002/2003 mais de US\$ 1 bilhão e na de 2003/2004 mais de US\$ 2 bilhões (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2005/2006 o impacto econômico da ferrugem da soja foi estimada em US\$1,75 bilhão (Henning e Godoy, 2006).

O método de controle mais utilizado é o químico. No entanto, a sua utilização deve ser feita de maneira racional para não inviabilizar o empreendimento e agredir o ambiente (Godoy e Canteri, 2004). O uso indiscriminado desses defensivos agrícolas, associado à monocultura, pode trazer sérias consequências resultando no desenvolvimento de tolerância do fungo aos fungicidas utilizados (Yorinori et al., 2004).

O uso de variedades resistentes é um método eficiente no controle da FAS (Zambolim, 2006). Entretanto, a variabilidade do patógeno tem dificultado o desenvolvimento de tais variedades (Oliveira et al., 2005; Arias et al., 2010). A existência de variabilidade entre isolados de *P. pachyrhizi* foi estudada e comprovada (Soares et al., 2009a; Soares et al., 2009b; Yamanaka et al., 2009; Ray et al., 2011; Kendrick et al., 2011).

Essa doença apresenta dois tipos de lesões, que podem ser classificadas como castanho-claro (TAN) ou castanho-avermelhado (RB-*Reddish Brown*). As plantas com lesões TAN são suscetíveis ao fungo *P. pachyrhizi* e as plantas com lesões RB são resistentes. Nas resistentes, há morte do tecido foliar ao redor das lesões causadas pela FAS, o que caracteriza reação de hipersensibilidade (Dhingra et al., 2009; Arias et al., 2010; Henning et al., 2010).

O desenvolvimento e a seleção de cultivares resistentes à FAS têm sido desafiante para os pesquisadores (Oliveira et al., 2005; Arias et al., 2010) devido à variabilidade do fungo. Até o presente momento, sete alelos de resistência foram identificados: *Rpp1* identificado na PI 200492 (McLean e Byth, 1980), *Rpp1-b* na PI 594538A (Chakraborty et al., 2009), *Rpp1?* na PI 587886 e na PI 587880A (Ray et al., 2009), *Rpp2* na PI230970 (Bromfield e Hartwig, 1980), *Rpp3* na PI462312 (Bromfield e Melching, 1982), *Rpp4* na PI459025 (Hartwig, 1986) e *Rpp5* (Garcia et al., 2008).

Em campo, esse tipo de resistência pode não ser durável (Hartman et al., 2005). Por isso, a identificação de genótipos com resistência horizontal (quantitativa) pode ser útil para o desenvolvimento de cultivares com resistência mais duradoura (Koga et al., 2008). A análise da reação de genótipo de soja pode ser conduzida com inoculação ou por meio de avaliação de plantas naturalmente infectadas. Experimentos com infecção natural da FAS têm sido realizados (Naravini et al., 2007; Barros et al., 2008; Tancredi, 2008; Cruz et al., 2011).

No Brasil, seis cultivares de soja com resistência à FAS já foram lançadas ao mercado. A TMG 801, TMG 803, TMG 7188 RR, TMG 7161 RR e TMG 7262 RR foram lançadas pela Fundação MT e parceiros (Fundação MT, 2011). A BRSGO 7560 pela Embrapa e parceiros (Souza et al., 2009). Além dessas, as cultivares UFUS 8011, UFUS 8710 (Impacta) e UFUS Milionária são consideradas tolerantes à FAS (UFU-PMGS, 2012). As cultivares BRSGO 7560, TMG 801 e TMG 803, com genes de efeito principal, deverão ser introduzidas nas estratégias de manejo da doença, uma vez que a durabilidade dessa resistência é duvidosa, devido à grande variabilidade do patógeno (Godoy et al., 2009).

A avaliação das cultivares com inoculação ou infecção natural do fungo é atividade importante em programas de melhoramento, tanto no início, com o objetivo de identificar materiais promissores, quanto no final, para confirmar a resistência e recomendar cultivares. No entanto, são poucas as informações sobre a quantidade de avaliações que devem ser realizadas para estimar o número de avaliações necessárias para determinar a diferença entre os materiais avaliados de forma que o genótipo selecionado mantenha sua característica nas gerações futuras. Segundo Cruz et al. (2004) e Ferreira et al. (2010), esta expectativa poderá ser comprovada pelo coeficiente de repetibilidade da característica estudada, sendo ele passível de estimação quando a medição do caráter for realizada repetidas vezes em determinado indivíduo. A repetibilidade expressa o valor máximo da herdabilidade, pois demonstra a proporção da

variância fenotípica, que é atribuída às diferenças genéticas confundidas com os efeitos permanentes que atuam na cultivar ou progênie. Assim, a repetibilidade, à semelhança da herdabilidade, constitui instrumento indispensável para orientar os trabalhos de melhoramento (Ferreira et al., 1999).

Para o planejamento das hibridações, a análise da população-base e o estabelecimento de grupos bem definidos, considerando características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outros, são passos importantes (Cruz e Carneiro, 2006). Em programas de melhoramento, estudos de diversidade genética têm sido empregados nas etapas iniciais porque possibilitam a identificação de genitores potenciais para o desenvolvimento de genótipos superiores (Cruz et al., 2004). Foi observada variabilidade genética entre genótipos de soja infectados por FAS (Martins et al., 2007; Santos et al., 2007; Koga et al., 2008).

Os objetivos foram: analisar a reação, estimar o número de avaliações necessárias para se determinar a diferença entre as cultivares, estudar a diversidade genética entre cultivares e verificar a semelhança dos resultados de diversos caracteres da soja obtidos em duas parcelas experimentais.

## **2. MATERIAIS E MÉTODOS**

Foram conduzidos dois experimentos (um na safra de 2009/2010 e outro na de 2010/2011) no Campo Experimental Diogo Alves de Mello do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. Três cultivares resistentes à ferrugem foram utilizadas: TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 e três suscetíveis: BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR e NK 7059 RR, em condições naturais de infecção da FAS e dois manejos da cultura (sem e com fungicida).

### **2.1. Experimento 1**

Empregou-se o delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, no esquema fatorial (cultivares x manejo da cultura). A unidade experimental constou de uma planta cultivada em cova.

No plantio, considerou-se uma adaptação do esquema *Hill Plot Design* (Fehr, 1978) de maneira que a distância entre cada *Hill Plot* foi de 20 cm dentro da fileira e de 80 cm entre fileiras. Para garantir o estante de cada *Hill Plot*, foram

plantadas três sementes por cova, tratadas com fungicida (carbendazim + tiram) de acordo com as recomendações do fabricante. Após a emergência das plantas, realizou-se o destaste para uma planta por cova. Ao redor do experimento e entre os dois manejos, foram plantadas sementes da cultivar BRS Valiosa RR como bordadura. A condução do experimento, incluindo fertilização e controle de pragas e plantas daninhas, foi realizada de acordo com as recomendações técnicas da cultura (Embrapa, 2008).

As plantas foram infectadas por uma população de *P. pachyrhizi*. No manejo da cultura com controle do patógeno com fungicida, procedeu-se a primeira aplicação de forma preventiva, isto é, antes da detecção da FAS nas plantas. As demais aplicações do fungicida foram realizadas conforme recomendação técnica. Utilizou-se de forma alternada os princípios ativos: trifloxistrobina + ciproconazol e trifloxistrobina + tebuconazol, de acordo com as recomendações do fabricante. A colheita das plantas nas parcelas foi realizada no estágio R8 (Fehr e Caviness, 1977), cortando-se a haste principal rente ao solo. As plantas foram levadas ao laboratório, onde permaneceram até que o teor de água das sementes atingisse 14%.

Foram realizadas as seguintes anotações e avaliações:

- a) *Área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) (%)*. Foram realizadas 24 avaliações (2 avaliações/semana) com base na escala diagramática proposta por Godoy et al. (2006). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento dos sintomas da FAS no experimento. Os dados foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), de acordo com a fórmula proposta por Shaner e Finney (1977).

$$AACPFMI = \sum_{i=1}^{n-1} \left[ \left( \frac{Y_{i+1} + Y_i}{2} \right) x (T_{i+1} - T_i) \right] , \text{ em que:}$$

**AACPFMI** = Área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado

**$Y_i$**  = Porcentagem da área do folíolo mais infectado, da *i*-ésima observação;

**$T_i$**  = Tempo, em dias, da *i*-ésima observação; e

**$n$**  = Total de observação.

- b) *Evolução da ferrugem na planta (EFP) (%)*. Foram realizadas 24 avaliações (2 avaliações/semana). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento de sintomas da FAS no experimento. Os dados foram utilizados para calcular a área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), de acordo com a fórmula proposta por Shaner e Finney (1977).

$$EFP_{\%} = \left( \frac{\text{Número de folíolos infectados pela ferrugem}}{\text{Número total de folíolos}} \right) \times 100$$

e

$$AACFPF = \sum_{i=1}^{n-1} \left[ \left( \frac{Y_{i+1} + Y_i}{2} \right) \right] (T_{i+1} - T_i)$$

- c) *Número de sementes por planta (NS)*: após a debulha das vagens, contaram-se as sementes produzidas na planta.
- d) *Peso de sementes por planta (PS) (g)*: após a contagem, as sementes foram pesadas em balança digital com precisão de 0,001g.
- e) *Redução de produtividade (RP)*: obtido pela diferença do PS entre os resultados no experimento sem e com controle do patógeno com fungicidas, em gramas e em porcentagem.
- f) *Peso de 100 sementes (P100) (g)*: após mensurar os itens c e d, obteve-se o peso de 100 sementes, pela divisão do peso de sementes pelo número total e o resultado multiplicado por 100.

No estudo da reação das cultivares, os dados de cada variável (AACPFMI, AACPEFP, NS, PS e P100) foram analisados, inicialmente, para cada manejo da doença por meio da análise de variância univariada. A relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo da AACPFMI foi maior que 7,0. Portanto, procedeu-se o ajuste do grau de liberdade do resíduo e da interação dessa variável (Gomes, 1990; Cruz et al., 2004). Para a variável redução de produtividade, realizou-se análise de variância simples. A comparação das médias das cultivares, do manejo da doença e da interação para cada caráter, foi realizada pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade.

As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes: Biometria (Cruz, 2006).

## 2.2. Experimento 2

Empregou-se o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, no esquema fatorial (cultivares x manejo da cultura). A unidade experimental constou da média de cinco plantas cultivadas em cova.

No plantio, considerou-se uma adaptação do esquema *Row Plot Design* (Fehr, 1978), isto é, cada *Row Plot* foi constituída de nove plantas, sendo cinco úteis para avaliação. A distância em cada *Row Plot* foi de 20 cm entre plantas dentro da fileira e de 80 cm entre fileiras. Para garantir o estante, foram plantadas três sementes por cova, tratadas com fungicida (carbendazim + tiram) de acordo com as recomendações do fabricante. Após a emergência das plantas, realizou-se o desbaste para uma planta por cova. Ao redor do experimento e entre os dois manejos, foram plantadas sementes da cultivar BRS Valiosa RR como bordadura. A condução do experimento, incluindo fertilização e controle de pragas e plantas daninhas, foi realizada de acordo com as recomendações técnicas da cultura (Embrapa, 2010).

As plantas foram infectadas por *P. pachyrhizi*. No manejo da cultura com controle do patógeno com fungicida, procedeu-se a primeira aplicação de forma preventiva, isto é, antes da detecção da FAS nas plantas. As demais aplicações do fungicida foram realizadas conforme recomendação técnica do fabricante. Utilizou-se de forma alternada os princípios ativos: trifloxistrobina + ciproconazol e trifloxistrobina + tebuconazol, de acordo com as recomendações do fabricante. A colheita das plantas nas parcelas foi realizada no estágio R8 (Fehr e Caviness, 1977), cortando-se a haste principal rente ao solo. As plantas foram levadas ao laboratório, onde permaneceram até que o teor de água das sementes atingisse 14%.

Foram realizadas as seguintes anotações e avaliações:

- a) *Área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) (%)*: Foram realizadas 10 avaliações (1 avaliação/semana), com base na escala diagramática proposta por Godoy et al. (2006). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento dos sintomas da FAS no experimento. Os dados foram utilizados para calcular a área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPPFMI), de acordo com a fórmula proposta por Shaner e Finney (1977).

b) *Evolução da ferrugem na planta (EFP)*. Foram realizadas 10 avaliações (1 avaliação/semana), com base em escala de notas (Tabela 1). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento dos sintomas da FAS no experimento. Os dados foram utilizados para calcular a área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), de acordo com a fórmula proposta por Shaner e Finney (1977).

**Tabela 1.** Escala de notas para avaliar a evolução da *P. pachyrhizi* na planta

Notas	Detalhes <sup>1,2</sup>
1,0	Ausência de lesão na planta.
2,0	Presença de lesão no folíolo localizado a 25% da altura de planta.
3,0	Presença de lesão no folíolo localizado a 50% da altura de planta.
4,0	Presença de lesão no folíolo localizado a 75% da altura de planta.
5,0	Presença de lesão no folíolo localizado a 100% da altura de planta.

<sup>1</sup>Considerou-se 0% da altura de planta = altura rente ao solo; <sup>2</sup>As porcentagens intermediárias às citadas também foram consideradas.

- c) *Dias para a floração (DF)*: do plantio ao início do estágio de desenvolvimento R1 (Fehr e Caviness, 1977).
- d) *Altura de planta na floração (APF) (cm)*: mediu-se a haste principal da planta, a partir do solo até o último nó visível, no estágio de desenvolvimento R1 (Fehr e Caviness, 1977).
- e) *Dias para a maturação (DM)*: do plantio ao início do estágio de desenvolvimento R8 (Fehr e Caviness, 1977).
- f) *Altura de planta na maturação (APM) (cm)*: mediu-se a haste principal da planta, a partir do solo até o último nó visível, no estágio de desenvolvimento R8 (Fehr e Caviness, 1977).
- g) *Número de vagens (NV)*: após a colheita, contou-se o número de vagens com sementes de todas as plantas.
- h) *Número de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset < 5,00$  mm)]*: após limpeza das sementes com peneira de orifícios oblongos (2,5 mm x 21,75 mm) e classificação em peneira de orifícios redondos ( $\emptyset = 5,00$  mm), contou-se o número de sementes que não ficaram retidas nas peneiras.
- i) *Número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset > 5,00$  mm)]*: após limpeza das sementes com peneira de orifícios oblongos (2,5 mm x 21,75 mm) e classificação em peneira de orifícios redondos ( $\emptyset = 5,00$  mm), contou-se o número de sementes que ficaram retidas na peneira de orifícios redondos.

- j) *Número de sementes (NS)*: obtido pela soma do número de sementes com diâmetro menor e maior que 5 mm.
- k) *Número de sementes por vagem (NSV)*: após a debulha, foi obtido com base na divisão do número de sementes pelo número total de vagens.
- l) *Peso da planta (peso das hastes+vagens+sementes) (PP) (g)*: pesaram-se as plantas, individualmente, em balança com precisão de 5,0g.
- m) *Peso das hastes (PH) (g)*: obtido pela subtração do peso das vagens com sementes e do peso de sementes do peso total da planta.
- n) *Peso das vagens (PV) (g)*: após contagem e debulha, as vagens com sementes foram pesadas em balança com precisão de 0,001g.
- o) *Peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\emptyset < 5,00$  mm)] (g)*: após debulha e classificação por tamanho, as sementes ( $\emptyset < 5,00$  mm) foram pesadas em balança com precisão de 0,001 g.
- p) *Peso de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\emptyset > 5,00$  mm)] (g)*: após debulha e classificação por tamanho, as sementes ( $\emptyset > 5,00$  mm) foram pesadas em balança com precisão de 0,001g.
- q) *Peso de sementes (PS) (g)*: obtido pela soma do peso das sementes com diâmetro menor e maior que 5,00 mm.
- r) *Redução de produtividade (RP)*: obtida pela diferença do PS entre os resultados no experimento sem e com controle com fungicida, em gramas e em porcentagem.
- s) *Peso de 100 semente (PI00) (g)*: obteve-se por meio da divisão do peso de sementes pelo seu número total e o resultado multiplicado por 100.
- t) *Índice de colheita (IC)*: obtido pela divisão do peso de sementes ( $\emptyset > 5,00$  mm) pelo peso total da planta.

A reação das cultivares ao longo das 10 avaliações, quanto à porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) e quanto à evolução da ferrugem na planta (EFP), obtidas no manejo sem fungicida, foi estudada pela análise de regressão, de estabilidade fenotípica e de repetibilidade.

Na análise de regressão, utilizou-se o procedimento de regressão polinomial conjunta e o teste de identidade de modelo, considerando 5% de probabilidade para escolha do melhor método e para rejeitar a hipótese de similaridade entre os modelos estatísticos. Além da significância da regressão, foi considerado o coeficiente de determinação ( $R^2$ ).

A estabilidade fenotípica foi estudada pelo método tradicional. Na análise, consideraram-se as diversas cultivares nas várias épocas de avaliação da doença. Foi realizado o desdobramento da soma de quadrado (S.Q.) da interação cultivares por épocas, nas somas de quadrados de épocas dentro de cada cultivar. A variação de épocas dentro de cada cultivar foi utilizada como estimativa de estabilidade (Cruz et al., 2004). Por essa metodologia, o genótipo que apresentou menor quadrado médio, ou seja, menor variância nas 10 avaliações, foi considerado o mais estável em relação à doença. Esta metodologia de análise de estabilidade fenotípica foi utilizada por Pereira et al. (1996) e Azevedo et al. (2005).

Na análise de repetibilidade, os coeficientes de repetibilidade foram estimados por meio dos métodos análise de variância (ANOVA); os componentes principais com base nas matrizes de correlação [CP(correl)] e de variâncias e covariâncias fenotípicas [CP(cov)]; a análise estrutural com base nas matrizes de correlação intraclasse [AE(correl)] e de variâncias e covariâncias [AE(cov)]. Adicionalmente, estimou-se o número mínimo de medições necessárias para prever o valor real dos indivíduos, com base nos coeficientes de determinação ( $R^2$ ) pré-estabelecidos (0,80, 0,85, 0,90, 0,95 e 0,99), conforme metodologia descrita por Cruz et al. (2004). Esta metodologia foi utilizada para estimar coeficientes de repetibilidade da severidade e da incidência de oídio (*Erysiphe diffusa*) em soja, a fim de estimar o número mínimo de avaliações necessárias para predição da reação de três grupos genotípicos (Matsuo et al., 2009b).

As demais variáveis (AACPFMI, AACEFP, DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\emptyset < 5,00$  mm), NS ( $\emptyset > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\emptyset < 5,00$  mm), PS ( $\emptyset > 5,00$  mm), PS, RP, P100 e IC) foram submetidas à análise de variância univariada separadamente para cada manejo da doença e, posteriormente, passaram pela análise de variância conjunta, considerando o esquema fatorial (cultivares x manejo da cultura), sendo os efeitos tanto para cultivares quanto para manejo da doença como fixos. A relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo da AACPFMI do NS ( $\emptyset > 5,00$  mm) e do PS foi maior que 7,0. Portanto, procedeu-se o ajuste do grau de liberdade do resíduo e da interação dessas variáveis (Gomes, 1990; Cruz et al., 2004). Para a variável redução de produtividade, realizou-se análise de variância simples. A comparação das médias das cultivares, do manejo da doença e da interação foi realizada pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade.

A análise da diversidade genética entre cultivares foi realizada com base nos dados obtidos nas avaliações realizadas nas parcelas que não receberam fungicidas. Consideraram-se três conjuntos de dados: caracteres relacionados com a resistência (AACPFMI, AACEFP e RP), caracteres agronômicos (DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\emptyset < 5,00$  mm), NS ( $\emptyset > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\emptyset < 5,00$  mm), PS ( $\emptyset > 5,00$  mm), PS, P100 e IC) e todos os caracteres analisados (de resistência e agronômicos). Inicialmente, estimou-se a matriz de dissimilaridade entre os pares de cultivares pela distância generalizada de Mahalanobis. Após a obtenção desta matriz, realizou-se o agrupamento das cultivares pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher.

### 2.3. Análise de tipo de parcelas experimentais na avaliação de caracteres agronômicos e de resistência à ferrugem asiática

A semelhança da avaliação de diversos caracteres agronômicos da soja nos dois tipos de parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*) foi estudada com base nos caracteres: área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), número de sementes (NS), peso de sementes (PS), redução de produtividade pelo não uso de fungicidas (em gramas e em porcentagem) e peso de 100 sementes (P100). Para essa análise, foram utilizados os dados da AACPFMI, NS, PS e P100 obtidos nas parcelas que não receberam fungicidas. A semelhança foi avaliada por meio de análises das estimativas de parâmetros genéticos, análise de correlação simples entre os caracteres avaliados, estudo do padrão de agrupamento dos genótipos (por técnicas multivariadas) e análise de correlação entre as matrizes de dissimilaridades.

Os parâmetros estimados foram: coeficiente de variação experimental ( $\widehat{CV}_{e\%}$ ), coeficiente de variação genotípico ( $\widehat{CV}_{g\%}$ ), razão  $\widehat{CV}_{e\%}/\widehat{CV}_{g\%}$  e coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ).

$$\widehat{CV}_{e\%} = \frac{[100\sqrt{QMR}]}{\bar{X}}, \text{ em que:}$$

$\bar{X}$  = Média geral

$QMR$  = Quadrado médio do resíduo

$$\widehat{CV}_{g\%} = \frac{[100\sqrt{\widehat{\Phi}_g}]}{\bar{X}}, \text{ em que:}$$

$$\widehat{\Phi}_g = \frac{QMG - QMR}{r}, \text{ em que:}$$

$QMG$  = Quadrado médio de genótipo

$r$  = Número de repetições

$$H^2 = \left[ \frac{\widehat{\Phi}_g}{\frac{QMG}{r}} \right] 100$$

A análise de correlação simples entre os caracteres avaliados nos dois experimentos foi realizada com base nos pares. Em todos os casos, os coeficientes de correlação fenotípica foram testados mediante emprego do teste  $t$ , a 1% e 5% de probabilidade, e do teste de Mantel, com 5.000 simulações.

O estudo do padrão de agrupamento dos genótipos foi realizado por meio de técnicas multivariadas, separadamente para cada tipo de parcela experimental. Inicialmente, estimaram-se as matrizes de dissimilaridade com base na distância generalizada de Mahalanobis. Posteriormente, foram realizados os estudos da divergência genética por variáveis canônicas, dispersão gráfica e agrupamento das cultivares pelo método de otimização de Tocher.

Por fim, realizou-se a correlação entre as medidas de dissimilaridade fornecida nas matrizes de dissimilaridades obtidas nas duas parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*). A significância do valor obtido foi testado pelo teste  $t$ , a 1% e 5% de probabilidade, e pelo teste de Mantel, baseado em 1.000 simulações.

As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes: Biometria (Cruz, 2006).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Experimento 1

Na interação cultivares x manejos da doença, cultivares e manejos da doença foram significativos ( $p < 0,01$ ) em relação às variáveis AACPFMI, AACEFP, NS, PS e P100 (Tabela 2).

O coeficiente de variação experimental ( $CV_{\%}$ ) da AACPFMI foi de 9,47%, podendo ser considerado aceitável quando comparado com os apresentados por Alves et al. (2007), Koga et al. (2007), Godoy et al. (2009), Silva et al. (2009), Resende e Juliatti (2010) e Mesquini et al. (2011). A magnitude do  $CV_{\%}$  do NS foi de 17,64% e inferior ao encontrado por Tancredi et al. (2004) e Toledo et al. (2009). O  $CV_{\%}$  obtido para PS, 13,64%, que retrata a produção por planta, foi inferior ao encontrado por Carvalho et al. (2009) em estudo de produção de grãos nas gerações  $F_{2:4}$  e  $F_{2:6}$  em soja. A magnitude do  $CV_{\%}$  do P100, 7,64%, foi inferior ao encontrado por Toledo et al. (2009) e Freitas et al. (2010).

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância conjunta da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), do número de sementes (NS), do peso de sementes (PS) e do peso de 100 sementes (P100) em sete cultivares com e sem controle da doença com fungicida (Manejos), em experimento conduzido em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2009/2010<sup>1</sup>

F.V.	G.L.	Quadrados médios - AACPFMI			
Cultivares (C)	6	400080,6065**			
Manejos (M)	1	126238741,3714**			
C x M	6	293607,1495**			
Resíduo	12	31031,7296			
Média geral		1860,06			
CV (%)		9,47			
F.V.	G.L.	AACEFP	NS	PS	P100
Cultivares (C)	6	1037584,4940**	47121,0396**	1248,3107**	12,7054**
Manejos (M)	1	251544702,6582**	180846,0952**	12092,1433**	926,2099**
C x M	6	372557,6851**	22251,2619**	744,7289**	5,8365**
Resíduo	28	19885,3229	923,7381	14,4745	1,2302
Média geral		3388,37	172,29	27,90	14,52
CV (%)		4,16	17,64	13,64	7,64

<sup>1</sup>\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

As cultivares influenciaram a redução da produtividade (parcelas com fungicida – sem fungicida) em gramas, mas não em porcentagem (Tabela 3).

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância da redução de produtividade devido ao controle da ferrugem com fungicida, em gramas (RP-A) e em porcentagem (RP-B), em sete cultivares de soja conduzidas em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2009/2010

F.V.	G.L.	Quadrados médios <sup>1</sup>	
		RP-A	RP-B
<b>Cultivares</b>	6	1489,4578**	732,0328 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	14	153,9207	528,7609
<b>Média geral</b>		33,94	72,47
<b>CV (%)</b>		36,56	31,73

<sup>1</sup>\*\* , <sup>ns</sup>: Significativo a 1% de probabilidade e não significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

As cultivares apresentaram maior AACPFFMI e AACEFP e menor PS e P100 quando não foi realizado o controle do patógeno com fungicida, com exceção do NS nas cultivares UFVS 2010 e BRSGO 7560 (Tabela 4). Isso demonstra que o controle do patógeno com fungicida foi eficaz. Portanto, é possível analisar a reação das cultivares à *P. pachyrhizi*. Em condição natural de infecção, Barros et al. (2008) obtiveram sucesso na avaliação do efeito do número de aplicações de fungicidas na folhagem no controle da ferrugem asiática; Cruz et al. (2011), também em Viçosa, no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, identificaram efeitos significativos de genótipos destinados à produção de silagem quanto ao progresso da FAS.

Quando não se empregou fungicida, as cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram as menores AACPFFMI e AACEFP (Tabela 4). A cultivar Água-Marinha RR apresentou comportamento semelhante às cultivares TMG 801 e TMG 803 no que se refere à AACEFP. Isso pode ter ocorrido porque durante a condução do experimento, mais especificamente entre a 13<sup>a</sup> e 14<sup>a</sup> avaliação da evolução da doença na planta, o acamamento das plantas da cultivar Água-Marinha RR provocou o desenvolvimento de novas folhas, o que resultou em menores valores da porcentagem de folíolos infectados na planta e, por consequência, da AACEFP. A cultivar TMG 803 apresentou maior número e peso de sementes em comparação com as demais cultivares.

As cultivares TMG 803, BRS Valiosa RR, UFVS 2010, NK 7059 RR e BRSGO 7560 apresentaram menores reduções de produtividade (RP) (Tabela 4). Apesar de as cultivares não terem apresentado médias de RP em porcentagens significativas, pode-se observar que as cultivares TMG 803 e BRSGO 7560 foram as que proporcionaram menores valores de redução.

As cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 foram as mais resistentes à FAS. Isso corrobora os relatos de Souza et al. (2009) e Fundação MT (2011), que afirmam que são resistentes à *P. pachyrhizi*.

**Tabela 4.** Média da área abaixo da curva do progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), do número de sementes (NS), do peso de 100 sementes (P100), do peso de sementes (PS) e da redução de produtividade (RP) em gramas e em porcentagem de sete cultivares com e sem controle do patógeno com fungicida, em experimento conduzido em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2009/2010<sup>1</sup>

Cultivares	AACPFMI				AACEFP			
	SEM controle		COM controle		SEM controle		COM controle	
TMG 801	3395	A c	116	B a	5788	A c	916	B ab
TMG 803	3004	A d	100	B a	5684	A c	802	B ab
BRS Valiosa RR	3901	A ab	157	B a	6205	A ab	1115	B a
Água-Marinha RR	4144	A a	135	B a	5854	A bc	991	B a
UFVS 2010	3733	A b	156	B a	6435	A a	1121	B a
NK 7059 RR	4011	A ab	173	B a	6387	A a	1017	B a
BRSGO 7560	2964	A d	45	B a	4493	A d	622	B b
CV (%)	9,4				4,1			

Cultivares	NS				P100 (g)			
	SEM controle		COM controle		SEM controle		COM controle	
TMG 801	114,3	B b	427,6	A a	9,9	B a	18,7	A bc
TMG 803	268,3	B a	325,0	A b	11,5	B a	19,5	A ab
BRS Valiosa RR	42,3	B b	146,3	A c	10,5	B a	19,9	A ab
Água-Marinha RR	74,0	B b	374,0	A ab	6,2	B b	17,9	A bc
UFVS 2010	87,6	A b	123,0	A c	10,0	B a	21,9	A a
NK 7059 RR	65,0	B b	128,0	A c	10,4	B a	20,0	A ab
BRSGO 7560	95,0	A b	141,3	A c	9,9	B a	16,2	A c
CV (%)	17,6				7,6			

Cultivares	PS (g)				RP		
	SEM controle		COM controle		Redução (g)	Redução (%)	
TMG 801	11,4	B b	79,5	A a	68,1	a	85,6
TMG 803	31,1	B a	63,6	A b	32,4	bc	51,1
BRS Valiosa RR	4,4	B b	29,0	A c	24,6	c	84,6
Água-Marinha RR	4,4	B b	66,7	A b	62,3	ab	93,4
UFVS 2010	8,9	B b	26,4	A c	17,5	c	66,2
NK 7059 RR	6,8	B b	25,7	A c	18,9	c	73,6
BRSGO 7560	9,3	B b	22,8	A c	13,4	c	58,9
CV (%)	13,6				36,5		31,7

<sup>1</sup>Médias seguidas pelas mesmas letras maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

### 3.2. Experimento 2

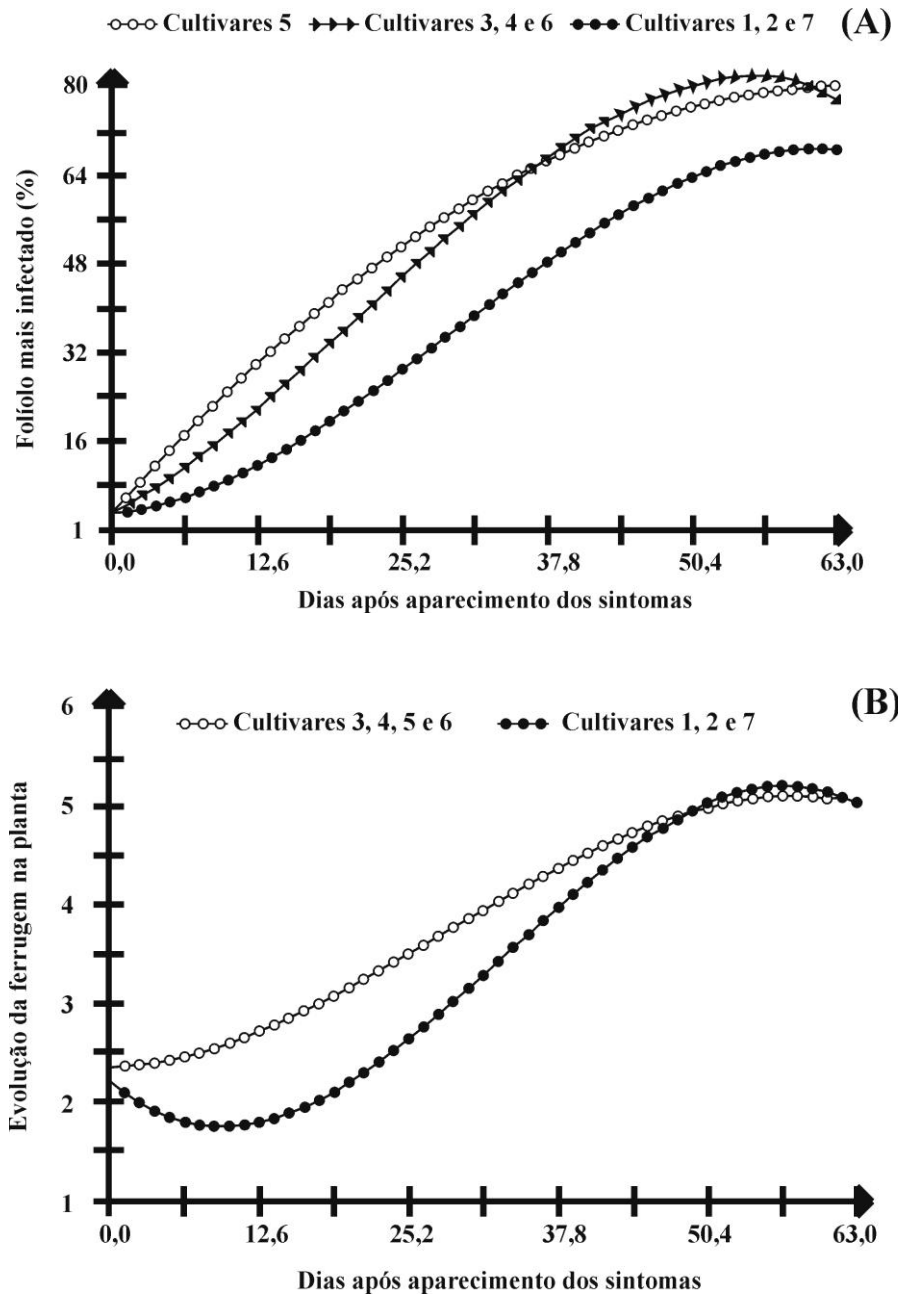
Na interação cultivares x avaliações, cultivares e avaliações foram significativos quanto à porcentagem da área foliar do folíolo mais infectado (PAIFMI) e à evolução da ferrugem na planta (EFP). O coeficiente de variação (CV%) foi igual a

21,56% e 9,17%, respectivamente, para PFMI e EFP. A magnitude do CV% para PAIFMI foi inferior ao encontrado por Mesquini et al. (2011).

O efeito significativo da interação indica que há possibilidade de a melhor cultivar em um ambiente não o ser em outro. Além disso, estudos a respeito da interação cultivares x ambientes são importantes para o melhoramento. No entanto, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada cultivar frente às variações ambientais (Cruz et al., 2004). Uma alternativa para quantificar essas variações é o uso de regressões, que estabelece uma relação entre a variável dependente e a independente, para uma cultivar em função das variações, como, por exemplo, o tempo. Em soja infectada com FAZ, as análises de regressão foram utilizadas por Del Ponte et al (2006), Tsumanuma et al. (2010) e Mesquini et al. (2011).

As cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram desempenho semelhante entre si para PAIFMI e EFP (Figuras 1A e 1B). Essas cultivares apresentaram notas máximas em datas posteriores a 57 e 50 dias após o aparecimento dos sintomas, respectivamente, para PAIFMI e EFP. No entanto, as cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 resistiram à ferrugem asiática da soja, pois a doença desenvolveu mais lentamente, tanto no folíolo mais infectado quanto na evolução da doença na planta.

O progresso lento da ferrugem (*slow-rusting*) é considerado uma forma de resistência parcial. Ele representa redução da taxa da epidemia, tendo como consequência a redução da quantidade de inóculo e da população da ferrugem asiática (Azevedo et al., 2007). Tancredi (2008) também identificou genótipos com desenvolvimento mais lento que o da FAS. O uso de genótipos com resistência parcial/tolerantes à FAS poderá ser útil na redução do número de aplicações de fungicidas e, assim, reduzir o custo com o controle da doença (Oliveira et al., 2005; Santos et al., 2007). Além disso, Li e Young (2009) relataram que o desenvolvimento de cultivares com *less-rusting* ou *slow-rusting* é uma das opções para programas de melhoramento que visam a resistência à *P. pachyrhizi*.



**Figura 1.** Comportamento de sete cultivares de soja quanto à ferrugem asiática da soja ao longo de 10 avaliações (uma por semana). (A) Porcentagem do folículo mais infectado. (B) Porcentagem de folíolos infectados. As regressões foram agrupadas pelo teste de identidade de modelo a 5% de probabilidade. Cultivares: 1-TMG 801, 2-TMG 803, 3-BRS Valiosa RR, 4-Água-Marinha RR, 5-UFVS 2010, 6-NK 7059 RR e 7-BRSGO 7560.

(A)	{	○-○-○-○ : $Y = 1,8355 + 2,2638566X - 0,0161174X^2$ $R^2 = 98,99$ **
		▲-▲-▲-▲ : $Y = 3,9019685 + 1,1474616X + 0,0339319X^2 - 0,000535X^3$ $R^2 = 99,85$ **
		●-●-●-● : $Y = 4,1144149 + 0,1726933X + 0,0458064X^2 - 0,0005153X^3$ $R^2 = 99,24$ **
(B)	{	○-○-○-○ : $Y = 2,3160551 + 0,0042295X + 0,0023415X^2 - 0,0000275X^3$ $R^2 = 99,45$ **
		●-●-●-● : $Y = 2,1778065 - 0,1034161X + 0,0064051X^2 - 0,0000644X^3$ $R^2 = 99,01$ **

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Com base nas análises de estabilidade fenotípica, as cultivares TMG 801 e TMG 803 foram as mais estáveis quanto à PAIFMI (Tabela 5). Na EFP, as cultivares com maior estabilidade foram Água-Marinha RR e UFVS 2010. No entanto, não apresentaram desempenho desejável quanto à reação à ferrugem. As cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram médias de PAIFMI e EFP inferiores à média geral do experimento, sendo, portanto, as mais resistentes entre as cultivares testadas.

Para que um genótipo possa ser utilizado em programa de melhoramento genético para resistência a oídio, é importante que ele apresente estabilidade e seja resistente ou moderadamente resistente à doença (Azevedo et al., 2005). Essa afirmativa pode ser estendida para ferrugem asiática. Logo, as cultivares que apresentaram melhor desempenho para estabilidade fenotípica e reação à ferrugem foram: TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560.

**Tabela 5.** Estimativas dos parâmetros de estabilidade (QME/Gi) do método tradicional e média das 10 avaliações (Médias), da porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) e evolução da ferrugem na planta (EFP) em sete cultivares de soja, conduzido em campo, com infecção de *P. pachyrhizi*, sem aplicação de fungicida, Viçosa-MG, 2010/2011<sup>1</sup>

F.V.	PAIFMI			EFP		
	G.L.	Q.M.	Médias	G.L.	Q.M.	Médias
Avaliações (A)	9	19444,91		9	42,81	
Cultivares (C)	6	2116,87		6	2,38	
Interação A x C	54	79,73		54	0,33	
Avaliações/Cultivares	63	2846,19		63	6,40	
Avaliações/TMG 801	9	2527,02	<b>36,9</b>	9	8,59	<b>3,3</b>
Avaliações/TMG 803	9	2174,64	<b>36,0</b>	9	7,37	<b>3,3</b>
Avaliações/BRS Valiosa RR	9	2868,81	52,8	9	5,37	3,7
Avaliações/Água-Marinha RR	9	3225,52	51,0	9	4,91	3,7
Avaliações/UFVS 2010	9	2976,55	50,6	9	4,83	3,9
Avaliações/NK 7059 RR	9	3365,52	49,4	9	5,06	3,7
Avaliações/BRSGO 7560	9	2785,24	<b>40,1</b>	9	8,67	<b>3,5</b>
Resíduo	87	40,13		108	0,05	
Média geral			45,3			3,6

<sup>1</sup>Os números em negrito indicam genótipos com média, de PAIFMI ou EFP, inferior à média geral do experimento.

As estimativas de coeficientes de repetibilidade e de determinação da porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) foram maiores em comparação com a evolução da ferrugem na planta (EFP) (Tabela 6). As estimativas dos coeficientes de repetibilidade da PAIFMI variaram de 0,719 em ANOVA e AE(cov) a 0,905 em CP(cov) e os de determinação foram de 96,2% ou superiores. As estimativas

dos coeficientes de repetibilidade da EFP variaram de 0,207 em AE(correl) a 0,847 em CP(cov) e os de determinação foram iguais ou superiores a 72,2%.

Coeficientes de repetibilidade de baixa magnitude, de maneira geral inferiores a 0,4, dificultam a identificação, pelo melhorista, dos melhores valores genotípicos da análise das médias fenotípicas obtidas (Ferreira et al., 1999). Matsuo et al. (2009b) afirmaram que a seleção de linhagens com resistência ao oídio, com base nos resultados do grupo de genótipos adaptados no estado de Goiás-2, não seria uma boa alternativa, uma vez que apresentaram coeficientes de repetibilidade inferiores a 0,4 e coeficientes de determinação de 68% a 73%. Dessa forma, no presente trabalho, foram adequadas às metodologias ANOVA, CP(cov), CP(correl), AE(correl) e AE(cov) para a análise da PAIFMI. Nas análises da EFP, podem ser utilizadas CP(cov) e CP(correl). O uso da metodologia de componentes principais para estimar os coeficientes de repetibilidade é mais indicado para as situações em que os genótipos apresentam desempenho cíclico em relação ao caráter estudado (Abeywardena, 1972).

**Tabela 6.** Estimativas do coeficiente de repetibilidade (r) e de determinação (Det) obtidas da análise à porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) e evolução da ferrugem na planta (EFP) em sete cultivares de soja, conduzido em campo, com infecção de *P. pachyrhizi*, sem controle da ferrugem com fungicida, Viçosa-MG, 2010/2011, baseadas em cinco metodologias<sup>1</sup>

Metodologias	PAIFMI		EFP	
	R	Det (%)	r	Det (%)
ANOVA	0,719	96,2	0,380	86,0
CP (cov)	0,905	99,0	0,846	98,2
CP (correl)	0,819	97,8	0,576	93,1
AE (correl)	0,809	97,7	0,207	72,2
AE (cov)	0,719	96,2	0,380	86,0

<sup>1</sup>Metodologias de estimação do coeficiente de repetibilidade: ANOVA: Análise de variância com um fator; CP (correl): Componentes principais obtidos da matriz de correlação; CP (cov): Componentes principais obtidos da matriz de covariâncias; AE (correl): Análise estrutural com base no autovalor teórico da matriz de correlações ou correlação média; AE (cov): Análise estrutural com base no autovalor teórico da matriz de covariância.

Com 10 avaliações, o grau de confiabilidade da PAIFMI e EFP foi de 95% para predizer o valor real de cada uma das cultivares. Com base na metodologia CP (correl) e no grau de confiabilidade de 95%, seriam necessárias 2 e 3,5 avaliações da PAIFMI e da EFP, respectivamente (Tabela 7). As 10 avaliações, realizadas com intervalo de sete dias, tiveram início com a detecção e confirmação da FAS no experimento. Isto é, a primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento de sintomas na planta e a última no 63º dia. Avaliações da PAIFMI e EFP até o 7º e 18º dia

após o aparecimento dos sintomas, respectivamente, seriam suficientes para discriminar genótipos de soja quanto à reação à ferrugem asiática, no campo, com grau de confiabilidade de 95%. Avaliações sucessivas após o 18º dia resultariam em pouco acréscimo na precisão. A razão dessa afirmação é que as análises da relação entre repetibilidade e número de medições indicam que quando a repetibilidade é alta, o acréscimo do número de medições resultará em pouco acréscimo na precisão, em relação à que se teria se um indivíduo fosse avaliado por meio de uma única observação. Quando a repetibilidade é baixa, o aumento do número de avaliações pode resultar em acréscimo significativo de ganho de precisão. Com níveis intermediários de repetibilidade, raramente é vantajoso fazer mais de três medições em cada indivíduo para cada caráter (Cruz et al., 2004; Cargnelutti Filho e Gonçalves, 2011). Deve-se ressaltar que as condições climáticas, a abundância do inóculo e a variabilidade do patógeno podem influenciar os resultados das avaliações.

**Tabela 7.** Número de avaliações necessárias associadas a diferentes coeficientes de determinação ( $R^2$ ), estimado para porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) e evolução da ferrugem na planta (EFP) em sete cultivares de soja, conduzido em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, sem controle do patógeno com fungicida, Viçosa-MG, 2010/2011, baseadas em quatro metodologias<sup>1</sup>

$R^2$	ANOVA	CP (correl)	CP (cov)	AE (correl)
----- PAIFMI -----				
<b>0,80</b>	1,6	0,4	0,9	0,9
<b>0,85</b>	2,2	0,6	1,3	1,3
<b>0,90</b>	3,5	1,0	2,0	2,1
<b>0,95</b>	7,4	2,0	4,2	4,5
<b>0,99</b>	38,8	10,4	21,9	23,4
----- EFP -----				
<b>0,80</b>	6,5	0,7	3,0	15,4
<b>0,85</b>	9,3	1,0	4,2	21,8
<b>0,90</b>	14,7	1,6	6,6	34,6
<b>0,95</b>	31,1	3,5	14,0	73,0
<b>0,99</b>	161,8	18,1	73,0	380,5

<sup>1</sup>Metodologias de estimação do coeficiente de repetibilidade: ANOVA: Análise de variância com um fator; CP (correl): Componentes principais obtidos da matriz de correlação; CP (cov): Componentes principais obtidos da matriz de covariâncias; AE (cov): Análise estrutural com base no autovalor teórico da matriz de covariância.

Pela análise de variância, na interação cultivares x manejo da cultura, as cultivares e os manejos foram significativos para AACPFMI, ACEFP, NV, NSV, P100 e IC. Para DF, APF, DM, APM, NS ( $\varnothing < 5,00$  mm), NS ( $\varnothing > 5,00$  mm), NS, PP, PH, PV e PS ( $\varnothing < 5,00$  mm). Enquanto que para PS ( $\varnothing > 5,00$  mm) e PS foi

significativo somente o efeito de manejo da lavoura. Com relação aos coeficientes de variação ( $CV_{\%}$ ), os valores variaram de 3,97 em AACEFP a 42,09 em PS ( $\emptyset > 5,00$  mm). Os  $CV_{\%}$  do AACPFMI e AACEFP foram semelhantes ao encontrado no Experimento 1.

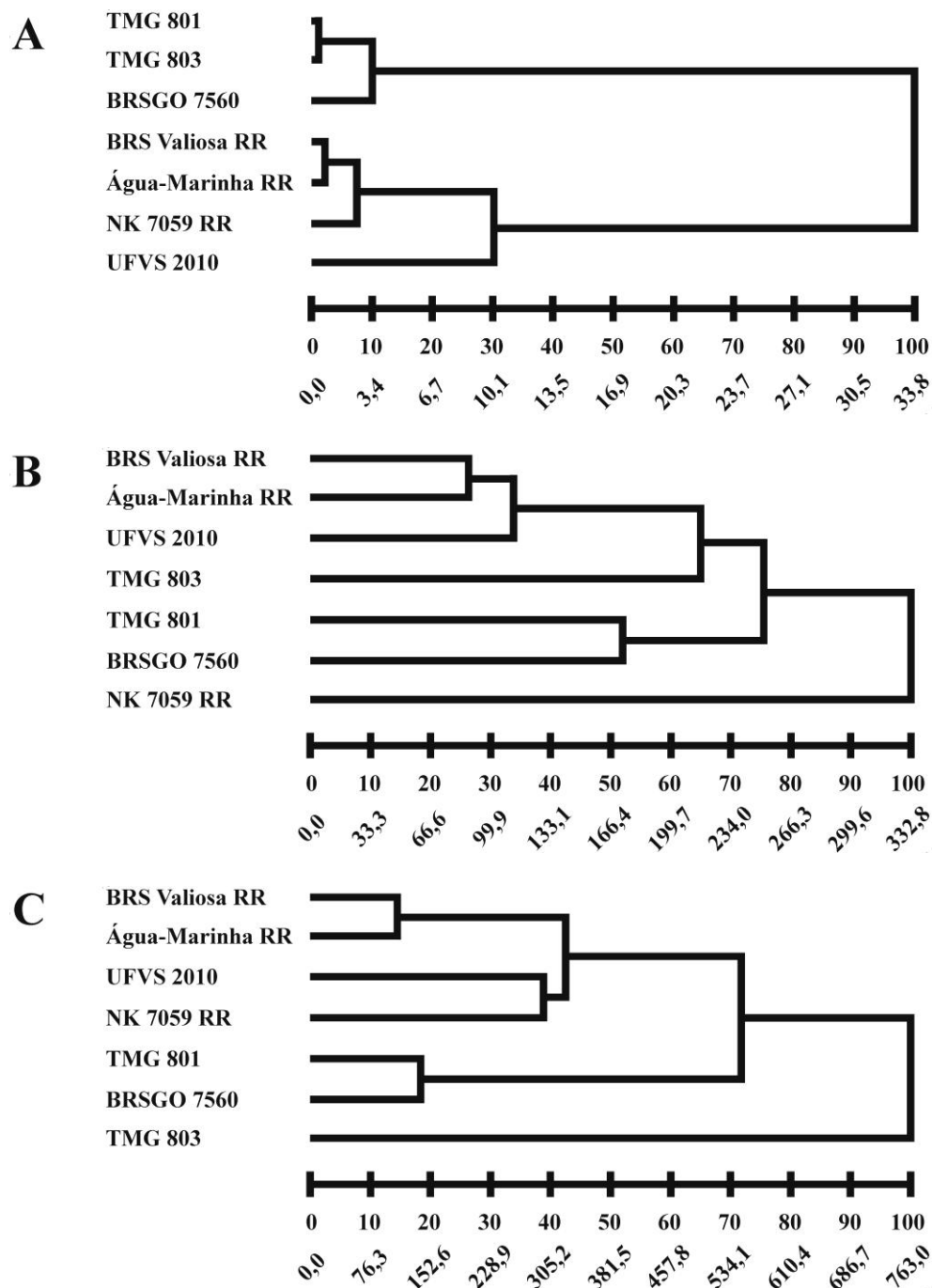
As cultivares apresentaram diferença quanto à redução de produtividade, em porcentagem. A média da redução de produtividade foi igual a 69,84%, de forma que o menor valor foi observado na cultivar BRSGO 7560 (62,33%) e o maior na cultivar Água-Marinha RR (93,18%). Além disso, observou-se que BRSGO 7560 e TMG 803 foram diferentes estatisticamente das demais e apresentaram média inferior à média geral do experimento.

Os resultados dos dois experimentos demonstram que a infecção da soja com *P. pachyrhizi* foi adequada para o desenvolvimento do patógeno na planta, o que possibilitou a diferenciação das cultivares quanto à reação à ferrugem asiática e também quando submetidas a dois manejos (sem e com uso de fungicida).

As análises de diversidade genética realizadas com base nos três conjuntos de dados (caracteres relacionados com a resistência, caracteres agrônômicos e todos os caracteres analisados) obtidos sem uso de fungicida estão apresentadas na Figura 2 (A, B e C) e Tabela 8.

As cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 apresentaram dissimilaridade de 100% em comparação com as demais avaliadas, ao considerar os caracteres de resistência (Figura 2A). Com base nos caracteres agrônômicos, a cultivar NK 7059 RR foi a mais dissimilar. As cultivares mais similares foram BRS Valiosa RR e Água-Marinha RR (Figura 2B). Ao considerar todos os caracteres analisados, a cultivar TMG 803 foi a mais dissimilar com 100% de dissimilaridade, seguida das cultivares TMG 801 e BRSGO 7560 com aproximadamente 70% de dissimilaridade em relação às demais (Figura 2C).

A análise do agrupamento pelo método de otimização de Tocher formou três grupos considerando os caracteres de resistência e todos os caracteres analisados e quatro grupos considerando os caracteres agrônômicos (Tabela 7). Os resultados foram semelhantes aos do método UPGMA.



**Figura 2.** Dendrograma da dissimilaridade entre sete cultivares de soja infectadas com *P. pachyrhizi* com base em: (A) caracteres relacionados com resistência (AACPFFMI, AACEFP e RP); (B) caracteres agrônômicos (DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\varnothing < 5,00$  mm), NS ( $\varnothing > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\varnothing < 5,00$  mm), PS ( $\varnothing > 5,00$  mm), PS, P100 e IC); (C) todos os caracteres analisados (resistência e agrônômicos) em experimento sem controle do patógeno com fungicida. Matriz de dissimilaridade obtida com base na distância de Mahalanobis e o agrupamento pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA).

**Tabela 8.** Grupos de cultivares mutuamente exclusivos estabelecidos pelo método de otimização de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis estimadas a nos caracteres relacionados com resistência, caracteres agronômicos e todos os caracteres analisados (resistência e agronômicos), em sete cultivares em experimento conduzido em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, sem controle do patógeno com fungicida, Viçosa-MG, 2010/2011

Grupos	Cultivares agrupadas
<i>Relacionadas com resistência</i>	
I	TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560
II	BRS Valiossa RR, Água-Marinha RR e NK 7059 RR
III	UFVS 2010
<i>Agronômicos</i>	
I	BRS Valiossa RR, Água-Marinha RR e UFVS 2010
II	TMG 801 e BRSGO 7560
III	TMG 803
IV	NK 7059 RR
<i>Todos (resistência e agronômicos)</i>	
I	BRS Valiossa RR, Água-Marinha RR, UFVS 2010 e NK 7059 RR
II	TMG 801 e BRSGO 7560
III	TMG 803

<sup>1</sup>Caracteres relacionados com resistência: AACPFMI, AACEFP e RP;

Caracteres agronômicos: DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\varnothing < 5,00$  mm), NS ( $\varnothing > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\varnothing < 5,00$  mm), PS ( $\varnothing > 5,00$  mm), PS, P100 e IC.

As cultivares NK 7059 RR e TMG 803 formaram, individualmente, grupos exclusivos com relação a caracteres agronômicos pelo fato de apresentarem características fenotípicas bastante distintas, como grupo de maturidade, tipo de crescimento e ciclo de vida total.

A cultivar TMG 803 apresentou, de maneira geral, maior nível de resistência, seguido por TMG 801 e BRSGO 7560. Durante as avaliações, a cultivar TMG 801 apresentou maior resistência à FAS em relação à BRSGO 7560. No entanto, a BRSGO 7560 é de ciclo de vida mais curto, o que provavelmente resultou em desempenho semelhante à TMG 801. De acordo com Polizel et al. (2010), a TMG 803 apresentou maior resistência à FAS, seguido pelo grupo formado por TMG 801 e TMG 113 RR, enquanto as cultivares Tucunaré, Tabarana, Conquista, Pintado, TMG 132 RR e TMG 1182 RR formaram o grupo com as menores médias da área abaixo da curva do progresso da doença.

A estabilidade da resistência das cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560 à FAS é duvidosa devido à grande variabilidade do patógeno (Godoy et al., 2009). Experimentos, como o do presente trabalho, foram importantes para comprovar que em Viçosa-MG essas cultivares apresentaram resistência ao patógeno e

foram alocadas em grupos distintos das cultivares BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR, UFVS 2010 e NK 7059 RR por métodos de agrupamento (UPGMA e Tocher) e análise de regressão.

Segundo Cruz e Carneiro (2006), o sucesso de um programa de melhoramento tem como base a existência de variabilidade na população de trabalho. Por isso, o uso de ferramentas como o de estudo da diversidade genética dos genitores é recomendado pelos melhoristas com o intuito de formar a população-base e visando o inter cruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Dessa forma, estudos visando o desenvolvimento de genótipos com resistência à FAS podem ser iniciados por hibridações entre cultivares resistentes e suscetíveis.

Diante disso, com base nos resultados obtidos, as combinações híbridas mais promissoras são: TMG 801 x BRS Valiosa RR, TMG 801 x Água-Marinha RR, TMG 801 x UFVS 2010, TMG 801 x NK 7059 RR, TMG 803 x BRS Valiosa RR, TMG 803 x Água-Marinha RR, TMG 803 x UFVS 2010, TMG 803 x NK 7059 RR, BRSGO 7560 x BRS Valiosa RR, BRSGO 7560 x Água-Marinha RR, BRSGO 7560 x UFVS 2010 e BRSGO 7560 x NK 7059 RR, pelo fato de apresentarem magnitude de diversidade de 100% pelo método UPGMA e por estarem alocados em grupos distintos pelo método de otimização de Tocher. Além dessas combinações híbridas, podem-se realizar TMG 801 x TMG 803 e BRSGO 7560 x TMG 803, que apresentaram 70% de dissimilaridade por UPGMA e foram alocados em grupos distintos pelo método de otimização de Tocher.

### **3.3. Análise de diferentes parcelas experimentais na avaliação de caracteres agronômicos e de resistência à ferrugem asiática**

Correlações positivas, significativas e iguais ou maiores que 0,69 ( $p < 0,05$ ) foram observadas entre os pares de caracteres: AACPFMI, NS, PS e P100 entre as diferentes parcelas experimentais (Tabela 9). Isso sugere que os dados da área abaixo da curva do progresso da ferrugem no folíolo mais infectado e dos componentes de produtividade (número e peso de sementes e peso de 100 sementes) apresentaram relação linear entre as parcelas experimentais. Mauro et al. (1995) identificaram coeficiente de correlação positivo e significativo ( $p < 0,01$ ) iguais ou superiores a 0,82 para o peso de 100 sementes dentre entre parcelas convencionais, em linha e em covas.

**Tabela 9.** Correlações simples entre caracteres avaliados nas parcelas experimentais (*Hill Plot Design* – Exp1 e *Row Plot Design* – Exp 2) em sete cultivares, no manejo sem controle do patógeno com fungicida, em campo sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2010/2011

	AACPFFMI (Exp2)	NS (Exp2)	PS (Exp2)	RP(g) (Exp2)	RP(%) (Exp2)	P100 (Exp2)
AACPFFMI (Exp1)	<b>0,87</b> **,+	-0,82 *,+	-0,88 **,++	0,28	0,93 **,++	-0,80 **,+
NS (Exp1)	-0,73 **	<b>0,69</b> +	0,71 **	0,21	-0,57	0,51 +
PS (Exp1)	-0,72 **	0,70 **	<b>0,73</b> **	0,26	-0,59 +	0,59 **
RP(g) (Exp1)	-0,22	0,13	0,03	<b>0,16</b>	0,15	-0,44
RP(%) (Exp1)	0,45	-0,52	-0,59	0,24	<b>0,68</b>	-0,75 **,+
P100 (Exp1)	-0,38	0,53	0,57	0,31	-0,52	<b>0,89</b> **,+

\*\*\*: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t;

\*\*,+: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste de Mantel baseado em 10000 simulações.

AACPFFMI: área abaixo da curva de progresso da ferrugem no fófolo mais infectado; NS: número de sementes; PS: peso de sementes; RP(g): redução de produtividade em gramas; RP(%): redução de produtividade em porcentagem; P100: peso de 100 sementes.

**Tabela 10.** Estimativas do quadrado médio de cultivares (QMC), média (Média), coeficiente de variação experimental (CVe), coeficiente de variação genotípico (CVg), razão CVg/CVe e coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) de seis caracteres em sete cultivares de soja, em dois experimentos (*Hill Plot Design* – Exp1 e *Row Plot Design* – Exp 2) no manejo sem controle da doença, em campo com infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2010/2011<sup>1</sup>

Parâmetros	AACPFMI		NS	
	Exp 1	Exp 2	Exp 1	Exp 2
QMC	687922,09**	948526,47**	16817,0**	27437,12**
Média	3593,75	2901,33	106,66	167,50
CVe (%)	4,50	7,16	17,37	33,98
CVg (%)	13,06	16,39	69,47	46,43
Razão CVg/CVe	2,90	2,28	3,99	1,36
$H^2$	96,19	95,44	97,95	88,18
Parâmetros	PS		RP- g	
	Exp 1	Exp 2	Exp 1	Exp 2
QMC	257,73**	366,55**	1489,49**	495,67 <sup>ns</sup>
Média	10,93	16,08	33,93	59,81
CVe (%)	20,87	31,63	36,55	29,00
CVg (%)	83,90	57,38	62,17	11,66
Razão CVg/CVe	4,01	1,81	1,70	0,40
$H^2$	97,97	85,16	89,66	48,70
Parâmetros	RP - %		P100	
	Exp 1	Exp 2	Exp 1	Exp 2
QMC	732,08 <sup>ns</sup>	555,36**	8,56**	6,23**
Média	72,46	78,13	9,82	11,28
CVe (%)	31,73	11,68	8,05	7,85
CVg (%)	11,35	13,90	16,56	10,34
Razão CVg/CVe	0,35	1,19	2,05	1,31
$H^2$	27,77	85,00	92,68	87,39

<sup>1</sup>\*\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; <sup>ns</sup> Não significativo.

AACPFFMI: área abaixo da curva de progresso da ferrugem no fófolo mais infectado; NS: número de sementes; PS: peso de sementes; RP- g: redução de produtividade em gramas; RP - %: redução de produtividade em porcentagem; P100: peso de 100 sementes.

Houve efeito significativo de cultivares ( $p < 0,01$ ) sobre AACPFFMI, NS, PS e P100 nos dois experimentos. Redução de produtividade (RP), em gramas, apresentou efeito de cultivares significativo apenas no experimento 1 e RP-% no experimento 2 (Tabela 10). Esses resultados indicam a existência de variabilidade genética entre genótipos, o que possibilita sucesso na seleção de materiais promissores.

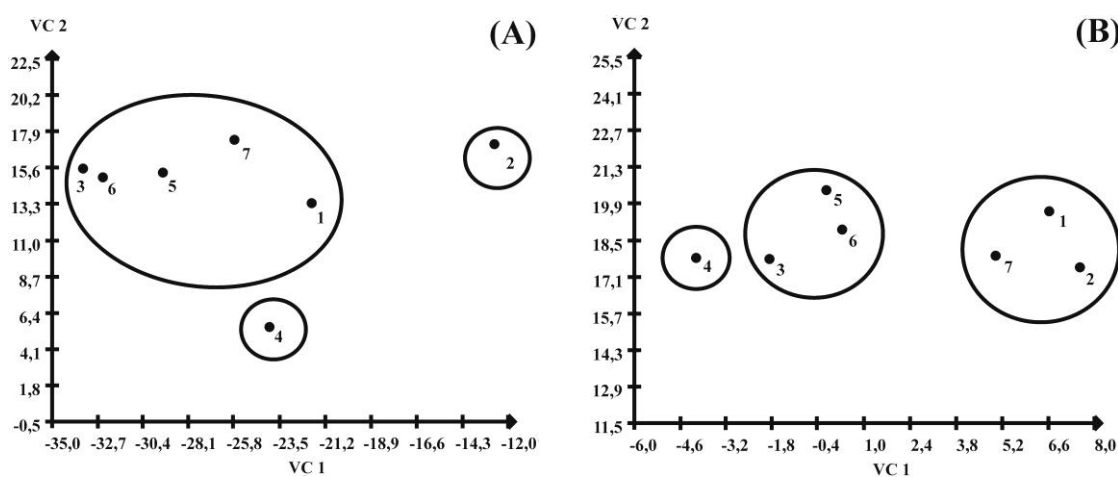
Os coeficientes de variação experimental da AACPFFMI podem ser considerados aceitáveis quando comparados com os apresentados por Alves et al. (2007), Koga et al. (2007), Godoy et al. (2009), Silva et al. (2009), Resende e Juliatti (2010) e Mesquini et al. (2011). A magnitude do CV% do NS (17,64% e 33,98) foi semelhante ao encontrado por Toledo et al. (2009) e inferior ao encontrado por Tancredi et al. (2004). O CV% obtido para PS (20,87 e 31,63%), que retrata a produção por planta, foi semelhante ao encontrado por Carvalho et al. (2009). A magnitude do CV% do P100 (8,05% e 7,85%) foi inferior ao encontrado por Toledo et al. (2009) e Freitas et al. (2010).

O coeficiente de variação genotípico (CVg) da AACPFFMI, RP-% e P100 foi semelhante nos dois experimentos. As relações CVg/CVe foram maiores que a unidade para os caracteres AACPFFMI, NS, PS e P100, nos dois experimentos. Para RP-g e RP-%, a magnitude da relação CVg/CVe foi maior que a unidade no experimento 1 e 2, respectivamente. Valores maiores que a unidade indica que há possibilidade de sucesso na identificação de genótipos superiores porque a variação genotípica superou a ambiental (Vencovsky, 1987). A razão entre o coeficiente de variância genético (CVg) e o coeficiente de variância experimental (CVe) demonstra quanto da variância experimental é explicada pela variância genotípica.

As estimativas do coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) da AACPFFMI, NS, PS e P100 foram maiores que 85% nos dois experimentos; para RP-g, no experimento 1; para RP-%, no experimento 2. Segundo Cruz (2005), o  $H^2$  é uma medida análoga à herdabilidade e expressa a variância fenotípica devido à variabilidade genética entre as médias dos tratamentos, de forma que estimativas elevadas do  $H^2$  indicam que a maior parte da variação entre as médias de genótipos é de natureza genética (Vencovsky, 1987). A maior importância da herdabilidade em estudos genéticos de caráter métrico é o seu papel preditivo, no qual é expressa a confiança do valor fenotípico como guia do valor genético ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético de uma população ou de um conjunto de genótipos (Falconer, 1981).

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 93,43% e 95,18% da variação total, respectivamente, para os dados obtidos nas duas parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*). Sua utilização é satisfatória nos estudos da divergência genética por meios de avaliações da dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas.

Nos dois experimentos, as análises indicaram a formação de três grupos. As cultivares BRS Valiosa RR, UFVS 2010 e NK 7059 RR foram alocadas no mesmo grupo. As cultivares TMG 803 e Água-Marinha RR foram alocadas em grupos distintos, nos quais foram incluídas as cultivares BRS Valiosa RR, UFVS 2010 e NK 7059 RR (Figura 3A e 3B).



**Figura 3.** Dispersão gráfica de sete cultivares de soja com base nas duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) relativos a seis caracteres analisados: AACPFMI, NS, PS, RP-g, RP-% e P100. (A) Experimento 1; (B) Experimento 2. As cultivares foram agrupadas pelo método de otimização de Tocher, Viçosa-MG.

Cultivares: 1: TMG 801; 2: TMG 803; 3: BRS Valiosa RR; 4: Água-Marinha RR; 5: UFVS 2010; 6: NK 7059 RR; 7: BRSGO 7560.

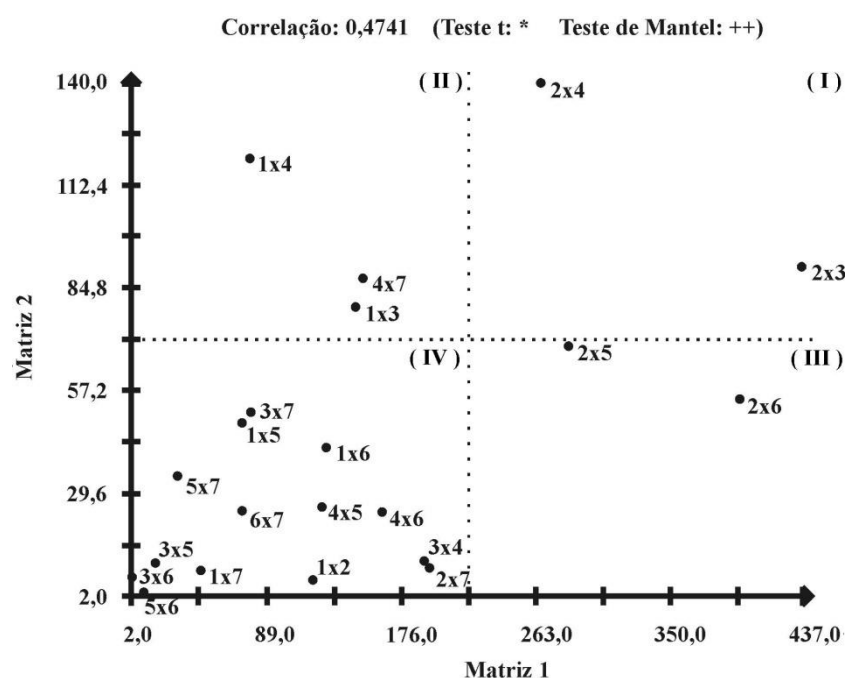
Caracteres: AACPFMI: área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado; NS: número de sementes; PS: peso de sementes; RP- g: redução de produtividade em gramas; RP - %: redução de produtividade em porcentagem; P100: peso de 100 sementes.

A correlação entre as matrizes de dissimilaridade obtidas nos experimentos 1 e 2 foi igual a 0,4741, significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste *t* e pelo teste de Mantel (Figura 4).

Ao dividir a Figura 4 em quatro quadrantes, observou-se a formação de quatro grupos: O grupo I (alta dissimilaridade nas duas matrizes) inclui as cultivares TMG 803 x Água Marinha RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR; o grupo II (alta dissimilaridade na matriz 2 e baixa dissimilaridade na matriz 1) inclui as cultivares TMG 801 x Água-Marinha RR, Água-Marinha RR x BRSGO 7560 e

TMG 801 x BRS Valiosa RR; o grupo III (alta dissimilaridade na matriz 1 e baixa dissimilaridade na matriz 2) inclui as cultivares TMG 803 x UFVS 2010 e TMG 803 x NK 7059 RR; o grupo IV (baixa dissimilaridade nas duas matrizes) incluiu as demais cultivares. Ao analisar simultaneamente os resultados apresentados nas Figuras 3A, 3B e 4, observou-se similaridade nos resultados.

A cultivar TMG 803 apresentou maior dissimilaridade nas duas matrizes, principalmente na combinação com a Água-Marinha RR, BRS Valiosa RR, UFVS 2010 e NK 7059 RR (Figura 4). Ela foi também a de maior inconsistência na dissimilaridade.



**Figura 4.** Relação entre a matriz de dissimilaridade obtida nos experimentos 1 e 2, obtida pela análise de seis caracteres em sete cultivares de soja.

\*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t* e ++Significativo a 1% de probabilidade pelo teste de Mantel, com nível crítico estabelecido após 1.000 permutações.

Cultivares: 1: TMG 801; 2: TMG 803; 3: BRS Valiosa RR; 4: Água-Marinha RR; 5: UFVS 2010; 6: NK 7059 RR; 7: BRSGO 7560.

Caracteres: AACPPFMI: área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado; NS: número de sementes; PS: peso de sementes; RP- g: redução de produtividade em função da ferrugem em gramas; RP - %: redução de produtividade em função da ferrugem em porcentagem; P100: peso de 100 sementes.

Com base na análise das Tabelas 9 e 10 e Figuras 3A, 3B, verificou-se boa concordância entre os resultados obtidos nos dois experimentos, indicando que se pode avaliar a AACPPFMI, NS, PS e P100 nos dois tipos de parcelas experimentais.

#### 4. CONCLUSÕES

As cultivares TMG 801, TM 803 e BRSGO 7560 apresentaram resistência à ferrugem asiática da soja e foram consideradas promissoras para serem utilizadas como fontes de genes de resistência.

Quatro avaliações, até 18 dias após o aparecimento dos sintomas, foram suficientes para prever o grau de resistência das cultivares de soja à ferrugem asiática.

Existe variabilidade genética entre as cultivares e foram identificados genitores potenciais com resistência à ferrugem asiática para serem utilizados em programas de melhoramento.

A área abaixo da curva do progresso da ferrugem no folíolo mais infectado, o número de sementes, o peso de sementes e o peso de 100 sementes apresentam resultados semelhantes nos dois tipos de parcelas experimentais (*Hill Plot Design* e *Row Plot Design*).

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abeywardena, V. A application of principal component analysis in genetics. **Journal of genetics**, v.16, p.27, 1972.

Alves, M.C.; Pozza, E.A.; Ferreira, J.B.; Araújo, D.V.; Costa, J.C.B.; Deuner, C.C.; Muniz, M.F.S.; Zambenedetti, E.B.; Machado, J.C. Intensidade da ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi* H. Sydow & P. Sydow) da soja [*Glycine max* (L.) Merr.] nas cultivares Conquista, Savana e Suprema sob diferentes temperaturas e períodos de molhamento foliar. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.3, p.239-244, 2007.

Arias, C.A.A.; Rachid, B.F.; Moreira, J.U.V.; Soares, R.M.; Oliveira, M.F.; Kaster, M.; Carneiro, G.E.S.; Carrão-Panizzi, M.C.; Pereira, M.J.Z.; Melo Filho, O.L.; Farias Neto, A.L.; Abdelnoor, R.V.; Brogin, R.L.; Fronza, V.; Bertagnolli, P. Desenvolvimento de cultivares de soja resistentes à Ferrugem-asiática. In: Reunião de pesquisa de soja da região central do Brasil, 31., 2010, Brasília. **Acta**. Londrina: Embrapa Soja, 2010. p.71-79. (Embrapa Soja. Documentos, 324).

Azevedo, L.A.S.; Juliatti, F.C.; Barreto, M. Resistência de genótipos de soja à *Phakopsora pachyrhizi*. **Summa phytopathologica**, v.33, n.3, p.252-257, 2007

Azevedo, P.H.; Azevedo, V.H.; Sedyama, T.; Reis, M.S.; Teixeira, R.C.; Cecon, P.R. Estabilidade de genótipos de soja quanto ao oídio (*Microsphaera diffusa*). **Bioscience Journal**, v.21, n.1, p.27-34, 2005.

Barros, H.B.; Sedyama, T.; Reis, M.S.; Cecon, P.R. Efeito do número de aplicações de fungicidas no controle da ferrugem-asiática da soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.30, n.2, p.239-245, 2008.

Bromfield, K.R.; Hartwig, E.E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, v.20, p.254-255, 1980.

Bromfield, K.R.; Melching, J.S. Sources of specific resistance to soybean rust. **Phytopatology**, v.72, p.706, 1982.

Cargnelutti Filho, A.; Gonçalves, E.C.P. Estimativa do número de repetições para a avaliação de caracteres de produtividade e de morfologia em genótipos de soja. **Comunicata Scientiae**, v.2, n.1, p.25-33, 2011.

Carvalho, A.D.F.; Geraldi, I.O.; Santos, V.S. Avaliação de progênies F<sub>2:4</sub> e F<sub>2:6</sub> de soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia**, v.68, n.4, p.857-861, 2009.

Chakraborty, N.; Curley, J.; Frederick, R.D.; Hyten, D.L.; Nelson, R.L.; Hartman, G.L.; Diers, B.W. Mapping and confirmation of a new allele at *Rpp1* from soybean PI 594538A conferring RB lesion-type resistance to soybean rust. **Crop Science**, v.49, p.783-790, 2009.

CONAB [Companhia Nacional do Abastecimento]. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos**. Quarto levantamento. Conab: Brasília-DF, janeiro, 2012. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_01\\_10\\_10\\_53\\_02\\_boletim\\_graos\\_4o\\_levantamento.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_10_10_53_02_boletim_graos_4o_levantamento.pdf)> Acesso em: 20 de janeiro de 2012.

Cruz, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Editora UFV, 382p., 2006.

Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, Viçosa: Editora UFV, 585p., 2006.

Cruz, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. 1.ed., v.1, Viçosa: Editora UFV, 394p., 2005.

Cruz, C.D.; Regazzi, J.A.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1, Viçosa: Editora UFV, 480p., 2004.

Cruz, M.F.A.; Souza, G.A.; Rodrigues, F.A.; Sedyama, C.S.; Barros, E.G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem-asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.2, p.215-218, 2011.

Del Ponte, E. M.; Godoy, C. V.; Li, X., Yang, X. B. Predicting severity of Asian soybean rust epidemics with empirical rainfall models. **Phytopathology**, v.96, p.797-803, 2006

Dhingra, O.D.; Mendonça, H.L.; Macedo, D.M. Doenças e seu controle. In: Sedyama, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009, p.133-155.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil – 2009 e 2010**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 262p., 2008.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil – 2011**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 255p., 2010.

Falconer, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M.A.; Silva, J.C. Viçosa: Editora UFV, 279p., 1981.

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

Fehr, W.R. Breeding. In: Norman, A.G. (Ed.) **Soybean Physiology, Agronomy, and Utilization**. New York: Academic Press, Inc. 1978, p.119-155.

Ferreira, R.P.; Botrel, M.A.; Pereira, A.V.; Cruz, C.D. Avaliação de cultivares de alfafa e estimativas de repetibilidade de caracteres forrageiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.6, p.994-1002, 1999.

Ferreira, R.P.; Vasconcelos, E.S.; Cruz, C.D.; Barioni Júnior, W.; Rassini, J.B.; Freitas, A.R.; Vilela, D.; Moreira, A. Determinação do coeficiente de repetibilidade e estabilização genotípica das características agronômicas avaliadas em genótipos de alfafa no ano de estabelecimento. **Revista Ceres**, v.57, n.5, p.642-647, 2010.

Freitas, M.C.M.; Hamawaki, O.T.; Bueno, M.R.; Marques, M.C. Época de semeadura e densidade populacional de linhagens de soja UFU de ciclo semitardio. **Bioscience Journal**, v.26, n.5, p.698-708, 2010.

FUNDAÇÃO MT. **Boletim de Pesquisa de Soja – 2011**. Cuiabá: Fundação MT, 492p., 2011.

Garcia, A.; Calvo, E.S.; Kiihl, R.A.S.; Harada, A.; Hiromoto, D.M.; Vieira, L.G.E. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.545-553, 2008.

Godoy, C.V.; Canteri, M.G. Efeito da severidade de oídio e crestamento foliar de cercospora na produtividade da cultura da soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.29, p.526-531, 2004.

Godoy, C.V.; Flausino, A.M.; Santos, L.C.M.; Del Ponte, E.M. Eficiência do controle da ferrugem-asiática da soja em função do momento de aplicação sob condições de epidemias em Londrina, PR. **Tropical Plant Pathology**, v.34, n.1, p.056-061, 2009.

Godoy, C.V.; Koga, L.J.; Canteri, M.G. Diagrammatic scale for assessment of soybean rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, v.31, p.63-68. 2006

Gomes, F.P. **Curso de Estatística Experimental**. Piracicaba: Editora Nobel, 468p., 1990.

Hartman, G.L.; Miles, M.R.; Frederick, R.D. Breeding for resistance to soybean rust. **Plant Disease**, v.89, p.664-665, 2005.

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

Henning, A.A.; Almeida, A.M.R.; Godoy, C.V.; Seixas, C.D.S.; Yorinori, J.T.; Costamilan, L.M.; Ferreira, L.P.; Meyer, M.C.; Soares, R.M.; Dias, W.P. **Manual de identificação de doenças de soja**. 4.ed., Londrina: Embrapa Soja, 74p., 2010.

Henning, A.A.; Godoy, C.V. Situação da ferrugem da soja no Brasil e no Mundo. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.1-14.

Kendrick, M.D.; Harris, D.K.; Ha, B.K.; Yytten, D.L.; Cregan, P.B.; Frederick, R.D.; Boerma, H.R.; Pedley, K.R. Identification of a second Asian Rust resistance gene in *Hyuuga* soybean. **Phytopathology**, v.101, n.5, p.535-543, 2011.

Koga, L.J.; Canteri, M.G.; Calvo, E.S.; Unfried, J.R.; Garcia, A.; Harada, A.; Kiihl, R.A.S. Análise multivariada dos componentes da resistência à ferrugem-asiática em genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.10, p.1277-1286, 2008.

Koga, L.J.; Canteri, M.G.; Godoy, C.V. Relação entre medidas de refletância e área foliar sadia, severidade da ferrugem-asiática e produtividade da cultura da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, v.28, n.4, p.571-580, 2007.

Li, S.; Young, L. D.. Evaluation of selected genotypes of soybean for resistance to *Phakopsora pachyrhizi*. **Plant Health Progress**, 2009 (Online) doi:10.1094/PHP-2009-0615-01-RS.

Martins, J. A. S.; Juliatti, F. C.; Santos, V. A.; Polizel, A. C.; Juliatti, F. C. Período latente e uso da análise de componentes principais para caracterizar a resistência parcial à ferrugem da soja. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.4, p.364-371, 2007.

Matsuo, E.; Sedyama, T.; Barros, H.B.; Cruz, C.D.; Teixeira, R.C.; Boldt, A.F.; Boldt, A.S. Análise de repetibilidade de ocorrência de oídio em genótipos de soja. **Bioscience Journal**, v.25, n.2, p.87-98, 2009b.

Mauro, A.O.; Sedyama, T.; Sedyama, C.S. Estudo de tipos alternativos de parcelas experimentais para avaliação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Científica**, v.23, n.1, p.107-116, 1995.

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

Mesquini, R.M., Schwan-estrada, K. R. F., Vieira, R. A., Nascimento, J. F. Controle e progresso temporal da ferrugem-asiática da soja sob controle alternativo em campo. **Summa Phytopathologica**, v.37, n.1, p.24-29, 2011.

Navarini, L, Dallagnol, L.J., Balardin, R.S., Moreira, M.T., Meneghetti, R.C., Madolosso, M.G. Controle químico da ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow) na cultura da soja. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.2, p.182-186, 2007.

Oliveira, A.C.B.; Godoy, C.V.; Martins, M.C. Avaliação da tolerância de cultivares de soja à ferrugem-asiática no Oeste da Bahia. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.6, p.658-662, 2005.

Pereira, D.G.; Sedyama, T.; Cruz, C.D.; Gomes, J.L.L.; Teixeira, R.C. Análise de estabilidade fenotípica de cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em relação a diferentes isolados de *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*. **Revista Ceres**, v.43, n.250, p.743-754, 1996.

Polizel, A.C.; Menezes, P.C.; Silva, M.A.P.; Silva, E.M.B. Cultivares de soja, aplicação de fungicida e época de semeadura quanto à severidade de ferrugem-asiática. **Enciclopédia Biosfera**, v.6, v.11, p.1-7, 2010.

Ray, J.D.; Morel, W.; Smith, J.R.; Frederick, R.D.; Miles, M.R. Genetics and mapping of adult plant rust resistance in soybean PI 587886 and PI 587880A. **Theoretical and Applied Genetics**, v.119, p.271-280, 2009.

Ray, J.D.; Smith, J.R.; Morel, W.; Bogado, N.; Walker, D.R. Genetic resistance to soybean rust in PI567099A is at or near the *Rpp3* locus. **Journal of Crop Improvement**, v.25, n.3, p.219-231, 2011.

Resende, A.A.; Juliatti, F.C. Tratamento de sementes de soja com fluquinconazole no controle da ferrugem-asiática. **Bioscience Journal**, v.26, n.1, p.84-94, 2010.

Santos, J.A.; Juliatti, F.C.; Santos, V.A.; Polizel, A.C. Caracteres epidemiológicos e uso da análise de agrupamento para resistência parcial à ferrugem da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3, p.443-447, 2007

Shaner, G.; Finney, R.E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, v.67, p.1051-1056, 1977.

Silva, A. J. Da., Canteri, M. G., Santiago, D. C., Hikishima, M., Silva, A. L. Da. A refletância na estimativa do efeito de fungicidas no controle da ferrugem-asiática da soja. **Summa Phytopathologica**, v.35, n.1, p.53-56, 2009.

Smiderle, O.J. Relatos por Estado sobre o comportamento da cultura de soja na safra 2010/2011 – Estado de Roraima. In: **Ata da XXXI Reunião de Pesquisa de Soja da Região Central do Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 325p., 2010. (Documento n.324).

Soares, R.M.; Akamatsu, H.; Yamanaka, N.; Suenaga, K.; Yamaoka, Y. Ivancovich, A.; Morel, W.; Janegitz, T. Variabilidade patogênica do fungo *Phakopsora pachyrhizi*. Parte I - Projeto Ferrugem da Soja JIRCAS/Embrapa Soja/CRIA/INTA/Tsukuba University. In: **Resumos da Reunião do Consórcio Antiferrugem Safra 2008-09**. Londrina: Embrapa Soja, 2009a, p.93-101. (Documento n.315).

Soares, R.M.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Costamilan, L.M.; Roese, A.D.; Junes Jr., J.; Pimenta, C.B.; Martins, M.C.; Farias Neto, A.L.; Morel, W.; Gilli, J.; Lenzi, L.; Lucia, A.; Condori, M.; German, S.; Alonzo, M.J.R. Variabilidade patogênica do fungo *Phakopsora pachyrhizi*. Parte II - Projeto Southnomics - Plataforma para estresses bióticos e abióticos em culturas. In: **Resumos da Reunião do Consórcio Antiferrugem Safra 2008-09**. Londrina: Embrapa Soja, 2009b, p.103-113. (Documento n.315).

Souza, P.I.M.; Toledo, J.F.F.; Moreira, C.T.; Farias Neto, A.L.; Abud, S.; Arantes, N.E.; Mello Filho, O.L.; Carneiro, G.E. De S.; Monteiro, P.M.F.O.; Arias, C.A.A.; Kaster, M.; Oliveira, M.F.; Pípolo, A.E.; Brogin, R.L.; Nunes Júnior, J. Abdelnoor, R.V.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Andrade, P.J.M.; Carrão-Panizi, M.C.; Dias, W.P.; Moreira, J.U.V.; Neiva, L.C.S.; Nunes, M.R.; Seii, A.H.; Silva, L.O.; Silva, N.S.; Teixeira, R.N.; Soares, R.M.; Toledo, R.M.C.P.; Vieira, N.E. BRSGO 7560: Primeira cultivar de soja resistente à ferrugem-asiática indicada pela Embrapa e parceiros. In: V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009, 2009, Goiânia - GO. **Anais do V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009, 2009**

Tancredi, F.D. **Genótipos de soja e ferrugem-asiática: correlações, reação, adaptabilidade e estabilidade**. Universidade Federal de Viçosa. Tese (Doutorado em Fitotecnia), 171 f, 2008.

Tancredi, F.D.; Sedyama, T.; Reis, M.S.; Cecon, P.R.; Teixeira, R.C. Influência da remoção do meristema apical sobre os componentes de produtividade em população de soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.26, n.1, p.113-119, 2004.

Toledo, M.R.; Tancredi, F.D.; Sedyama, T.; Ribeiro Júnior, J.I.; Reis, M.S. Remoção do meristema apical e adensamento em plantas de soja visando sua utilização no método descendente de uma única semente. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.31, n.1, p.113-119, 2009.

Tsumanuma, G.M.; Soares, A.R.; Fancelli, A.L.; Rodrigues, M.A.T.; Begliomini, E. Efeito de herbicidas e fungicidas nas curvas de progresso e quantificação de danos causados pela ferrugem-asiática da soja. **Ciência Rural**, v.40, n.7, p.1485-1491, 2010.

UFU-PMGS [Universidade Federal de Uberlândia – Programa Melhoramento de Soja]. **Cultivares**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>>. Acesso em: 18 de janeiro de 2012.

Vencovsky, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. (eds.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargil, p.135-214, 1987.

Yorinori, J.T.; Nunes Junior, J.; Lazzarotto, J.J. **Ferrugem “asiática” da soja no Brasil: evolução, importância econômica e controle**. Londrina: Embrapa Soja, 36p. 2004. (Documentos 247).

Yorinori, J.T.; Paiva, W.M.; Frederick, R.D.; Costamilan, L.M.; Bertagnoli, P.F.; Hartman, G.L.; Godoy, C.V.; Nunes, J.J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease**, v.89, p.675-677, 2005.

Zambolim, L. Manejo integrado da ferrugem-asiática da soja. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.73-98.

## **Capítulo 2**

### **EFICIÊNCIA DA HIBRIDAÇÃO ARTIFICIAL ENTRE GENITORES DE SOJA COM DIFERENTES REAÇÕES À FERRUGEM ASIÁTICA**

## RESUMO

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja com diferentes reações à ferrugem-asiática.** Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

A hibridação artificial é um importante método de melhoramento na cultura da soja. No entanto, são poucas as informações detalhadas sobre a magnitude da umidade relativa e de temperatura do ar. Objetivou-se determinar a eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja com diferentes reações à ferrugem-asiática, os horários de cruzamentos. Efetuou-se, em casa de vegetação, 14 combinações híbridas em três períodos do dia. As variáveis estudadas foram: umidade relativa e a temperatura do ar, número de dias para o florescimento, de vagens sem sépalas (NVSS), de sementes produzidas, de sementes híbridas (NSH), porcentagem de vagens sem sépalas e de sementes híbridas. Para os dados de umidade relativa, da temperatura e do número de dias para o florescimento, realizou-se análise de variância e teste de Tukey. Posteriormente, estimou-se o coeficiente de correlação de Pearson entre NVSS e NSH. Os resultados relacionados com a hibridação artificial foram analisados considerando a estatística descritiva. Conclui-se que as hibridações artificiais realizadas, em janeiro, no período das 10:00h às 12:00h, com umidade relativa de 34,1% e temperatura de 38,6°C, foram as mais eficientes, seguido do período das 14:00h às 16:00h, com umidade relativa de 30,7% e temperatura de 41,7 °C; eficiência das hibridações artificiais foi influenciada pela diferença entre grupos de maturidades dos genitores e o número de plantas de cada genitor.

## ABSTRACT

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, February 2012. **Efficiency of artificial hybridization between genitors soybeans with different reactions to Asian rust.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

The artificial hybridization is an important method to improve the soybean crop. However, there is little information on the magnitude of relative humidity and air temperature. This study aimed to determine the efficiency of artificial hybridization between soybean genitors with different reactions to Asian soybean rust, considering the times of crossings. In greenhouse, fourteen hybrid combinations were made in three periods of the day. The variables studied were: relative humidity and temperature of the air, number of days to flowering, pod without sepals, produced seeds, hybrid seeds, percentage of pods without sepals and hybrid seeds. It was conducted analysis of variance and Tukey test for data of relative humidity, temperature and the number of days to flowering. Later, it was estimated the Pearson correlation coefficient between pod without sepals and hybrid seeds. The results related to artificial hybridization were analyzed considering the descriptive statistics. It is concluded that the artificial hybridizations, in January, in the period from 10 a.m to 12 p.m., with relative humidity of 31,4% and temperature of 38,6°C were the most efficient, followed by the period from 2 p.m. to 4 p.m., with relative humidity of 30,7% and temperature of 41,7°C; the efficiency of artificial hybridization was influenced by the difference between maturiry groups and the number of plants of each genitor.

## 1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos houve um incremento da produção e da produtividade de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) no Brasil. Segundo a Conab (2011), na safra de 1976/1977 foi cultivada uma área de 6.949 mil hectares, onde se produziu 12.145 mil toneladas de soja, resultando em uma produtividade média de 1.748 kg/ha. Passados 35 anos, a estimativa para a safra de 2011/2012 é de 71,75 milhões de toneladas de soja em 24,63 milhões de hectares, resultando em produtividade média de 2.913 kg/ha (Conab, 2012). Com essa produção, o Brasil é o segundo maior produtor de soja do mundo. No entanto, acredita-se que nos próximos dez anos sua produção supere a dos Estados Unidos. Assim, o Brasil será o maior produtor mundial de soja (Sediyama et al., 2009; Barros e Menegati, 2010).

O aumento considerável na produção e produtividade da soja é resultado da atuação persistente dos programas de melhoramento genético de soja no desenvolvimento e na recomendação de cultivares, dos agricultores e dos estudiosos nas diversas áreas correlatas com a tecnologia e produção da cultura. A hibridação pode ser utilizada para o desenvolvimento de novos cultivares de soja (Miyasaka e Silva, 1958; Sediyama et al., 2005).

A partir de cruzamentos entre genitores geneticamente distintos, são desenvolvidas populações com variabilidade genética, o que possibilita a aplicação de métodos apropriados de avaliação e seleção de características superiores (Borém et al., 2009). Os principais aspectos que devem ser considerados para otimizar o desenvolvimento de vagens provenientes de polinizações artificiais e produção de sementes híbridas são: habilidade do operador, ambiente, pragas, doenças e sincronização de florescimento dos progenitores (Borém et al., 2009). De acordo com Sediyama et al. (2005), as condições ambientais, como umidade relativa e temperatura do ar, o vigor das plantas e a presença de pragas podem determinar a hora do dia para a coleta do pólen e a maior ou menor eficiência nos cruzamentos.

O ambiente ideal para efetuar a hibridação artificial na soja pode variar dependendo da região e das facilidades que o melhorista possui (Sediyama et al., 2005). A alta ou a baixa umidade relativa do ar e a temperatura à noite, por exemplo, podem reduzir a taxa de cruzamentos (Johnson e Bernard, 1963). A umidade e a temperatura influenciam o horário ideal para realizar as hibridações (Sediyama et al., 1981, Sediyama et al., 2005; Borém et al., 2009). A razão disso, os maiores índices de

pegamento das polinizações artificiais são obtidos quando ocorre liberação do pólen com facilidade. Além disso, Sedyama et al. (1985) ressaltaram que insolação muito forte ou alta umidade relativa pode dificultar o pegamento dos cruzamentos.

Na literatura, são poucas as informações sobre umidade relativa e temperatura do ar para obtenção de maiores números de vagens e de sementes híbridas. Diante do exposto, o objetivo foi determinar a eficiência da hibridação artificial entre genitores de soja com diferentes reações à ferrugem asiática, considerando-se os horários de cruzamentos.

## 2. MATERIAIS E MÉTODOS

As atividades de hibridação foram realizadas em casa de vegetação do Programa Melhoramento Genético da Soja, do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Viçosa.

Inicialmente, procedeu-se a escolha dos genitores com base no objetivo de, principalmente, desenvolver populações segregantes para resistência à ferrugem asiática da soja (*Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow). Para isso, utilizaram-se as cultivares: TMG 801, TMG 803, BRSGO 7560, BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR e NK 7059 RR (Tabela 1), as quais foram semeadas em vasos contendo 3 dm<sup>3</sup> de solo, sendo que 1/3 era matéria orgânica.

**Tabela 1.** Algumas características dos genitores utilizados no bloco de cruzamento, Viçosa-MG, 2009/2010

Genitores	Características				
	Maturidade relativa	Cor da flor	Cor da pubescência	Reação ao glifosato	Reação à ferrugem asiática
NK 7059 RR	6,6	Branca	Cinza	Resistente	Suscetível
BRSGO 7560	7,5	Roxa	Marrom	Suscetível	Resistente
BRS Valiosa RR	8,1	Roxa	Marrom	Resistente	Suscetível
TMG 801	8,2	Roxa	Marrom	Suscetível	Resistente
TMG 803	8,7	Branca	Marrom	Suscetível	Resistente
Água-Marinha RR	8,7	Branca	Marrom	Resistente	Suscetível

Fonte: Souza et al. (2009); Fundação MT (2011); Syngenta Seeds (2011).

Visando a sincronização de florescimento no bloco de cruzamento, realizou-se a semeadura de sementes dos genitores em épocas distintas. A semeadura teve início em 8 de dezembro de 2009 e término em 9 de janeiro de 2010, com intervalo de dois dias (totalizando 17 épocas). A cultivar BRSGO 7560 foi semeada apenas nas três

últimas datas (05/01/2010, 07/01/2010 e 09/01/2010) devido à indisponibilidade de sementes no início da instalação do bloco de cruzamento. Em cada época, foram usadas cinco sementes de cada genitor por vaso de 3 dm<sup>3</sup> (solo : matéria orgânica = 2:1). No estádio V1 (Fehr e Caviness, 1977), foi feito o desbaste para duas por vaso. No estádio V4 (Fehr e Caviness, 1977), removeu-se o meristema apical, visando reduzir o trabalho de tutoramento das plantas (Tancredi et al., 2004). Posteriormente, conduziu-se o bloco de cruzamento conforme recomendações da cultura. Periodicamente, as plantas foram adubadas com 50 ml da solução (adubo<sup>1</sup> dissolvido em água) por vaso. Essa solução foi obtida através da mistura de 50 cm<sup>3</sup> de adubo em 2000 ml de água.

Foram efetuadas polinizações de 14 combinações híbridas (Tabela 2) em três períodos do dia (Tabela 3), conforme o processo da hibridação citado por Sedyama et al. (1981), Sedyama et al. (1986), Sedyama et al. (2005) e Borém et al. (2009).

**Tabela 2.** Combinações híbridas utilizadas no bloco de cruzamento

<b>Combinações híbridas</b>	<b>Combinações híbridas</b>
TMG 801 x BRS Valiosa RR	TMG 803 x BRSGO 7560
TMG 801 x Água-Marinha RR	BRSGO 7560 x BRS Valiosa RR
TMG 801 x NK 7059 RR	BRSGO 7560 x Água-Marinha RR
TMG 803 x BRS Valiosa RR	BRSGO 7560 x NK 7059 RR
TMG 803 x Água-Marinha RR	Água-Marinha RR x BRS Valiosa RR
TMG 803 x NK 7059 RR	NK 7059 RR x BRS Valiosa RR
TMG 803 x TMG 801	NK 7059 RR x Água-Marinha RR

**Tabela 3.** Períodos de polinização das combinações híbridas e sua codificação

<b>Codificações</b>	<b>Períodos de polinização</b>
H1	8:00h-10:00h
H2	10:00h-12:00h
H3	14:00h-16:00h

As disponibilidades de botões florais, utilizadas como genitor feminino, foram essenciais nas polinizações. Utilizou-se como genitor masculino aquele que apresentava padrão fenotípico dominante em relação ao feminino, como cor do hipocótilo, cor da flor, cor da pubescência e/ou resistência ao glifosato.

<sup>1</sup> NPK: 13-13-15 + micronutrientes [Cálcio (Ca): 1%; Enxofre (S): 4%; Boro (B): 0,05%; Cobalto (Co): 0,005%; Cobre (Cu): 0,05%; Ferro (Fe): 0,2%; Magnésio (Mg): 1%; Molibdênio (Mo): 0,005%; Zinco (Zn): 0,1%]

As variáveis estudadas foram avaliadas da seguinte maneira:

**a) Nos dias e períodos em que as polinizações foram realizadas**

- Anotado a umidade relativa (em %)
- Anotado a temperatura do ar (em °C)

**b) Antes do estágio R8**

– Data do florescimento (estádio R1) para todas as plantas. Com os dados de data de florescimento, calculou-se o número de dias para o florescimento (período entre o plantio até o estágio R1).

**c) Após o estágio R8**

– No estágio R8, procedeu-se, para cada combinação híbrida e período de polinização, a colheita e a contagem de vagens sem sépalas. A ausência de sépalas foi utilizada como marcador fenotípico de vagens provenientes de uma flor que foi submetida ao processo de polinização artificial. Na Figura 1 está apresentada uma vagem sem sépala e na Figura 2, uma vagem com sépala. Esta é proveniente de uma flor que não foi polinizada artificialmente por meio da emasculação.



**Figura 1.** Vagem sem sépalas.  
(Autoria: Éder Matsuo)



**Figura 2.** Vagem com sépalas.  
(Autoria: Éder Matsuo)

– As vagens foram debulhadas manualmente e foi determinado o número de sementes produzidas por período de polinização dentro de cada combinação híbrida.

– Visando confirmar a eficiência da polinização, realizou-se o plantio em leito de areia de parte das sementes produzidas. Essa plantação foi feita separadamente, por combinação híbrida e período de polinização. A determinação do número de plantas

híbridas foi realizada com base na cor do hipocótilo, na cor da pubescência e/ou tolerância ao glifosato.

– Porcentagem de vagens sem sépalas (PVSS) em cada período e combinação híbrida:

$$PVSS_{(\%) } = \left( \frac{\text{Número de vagens sem sépalas}}{\text{Número de polinizações realizadas}} \right) \times 100$$

– Porcentagem de sementes híbridas (PSH) em cada período e combinação híbrida:

$$PSH_{(\%) } = \left( \frac{\text{Número de sementes híbridas}}{\text{Número de sementes germinadas}} \right) \times 100$$

Para fins de análise, foi examinada a variância dos dados da umidade relativa e da temperatura. Isso foi feito em função dos três períodos de polinização do número de dias para o florescimento, considerando o delineamento inteiramente casualizado desbalanceado. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey (para número de repetições variáveis) a 5% de probabilidade. Posteriormente, foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson ( $p < 0,01$  e  $p < 0,05$ ) entre o número de vagens sem sépalas e o número de sementes híbridas. Os resultados relacionados com a hibridação artificial foram apresentados e discutidos considerando a estatística descritiva.

As análises foram realizadas no Programa Genes: Biometria (Cruz, 2006).

### **3. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Houve efeito significativo nos períodos de polinização (H1, H2 e H3) sobre a umidade relativa e temperatura do ar com coeficientes de variação igual a 11,11% e 5,25%, respectivamente. A umidade relativa do ar no período H2 foi intermediária em relação a H1 e H3. Resultados semelhantes foram observados para a temperatura do ar (Tabela 4).

Os genitores diferiram quanto ao número de dias para o florescimento. As cultivares NK 7059 RR e BRSGO 7560 foram as primeiras a florir e a TMG 803 a última (Tabela 5). Isso se deve à característica de cada cultivar, em função da região de

adaptação, porque são de grupos de maturidade distintos e foram semeados nas mesmas condições ambientais (data de plantio e latitude). Segundo Tancredi et al. (2006), a remoção do meristema apical não influenciou o número de dias para o florescimento.

**Tabela 4.** Resumo da análise de variância e dos testes de médias (teste de Tukey) para a temperatura e umidade relativa do ar, obtidos três períodos de realização das hibridações, em casa de vegetação, 2009/2010

Fontes de Variação	GL	Umidade relativa do ar		Temperatura do ar	
		Quadrados médios <sup>1</sup>			
Períodos de polinização	2	761,83**		250,61**	
Resíduo	42	15,86		4,02	
<b>Períodos de polinização</b>		<b>Teste de Tukey<sup>2,3</sup></b>			
H1: 8:00h-10:00h		45,7 a	(51,6 e 39,8)	32,8 c	(30,9 e 34,7)
H2: 10:00h-12:00h		34,1 b	(35,6 e 32,6)	38,6 b	(37,5 e 39,6)
H3: 14:00h-16:00h		30,7 c	(30,2 e 31,2)	41,7 a	(41,9 e 41,5)
Média		35,8	(37,7 e 33,9)	38,1	(37,3 e 39,0)
CV (%)		11,1		5,2	

<sup>1</sup>\*\*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F;

<sup>2</sup>Médias seguidas pela mesma letra minúscula, na coluna, não diferem entre si pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade;

<sup>3</sup>Valores entre parênteses indicam a média obtida no início e no fim de cada período de polinização.

**Tabela 5.** Resumo da análise de variância e do teste de médias para dias do plantio ao florescimento de seis genitores de soja, em casa de vegetação, 2009/2010

Fontes de Variação	GL	Dias do plantio para o florescimento	
		Quadrado médio <sup>1</sup>	
Genitores	5	1403,09**	
Resíduo	170	11,03	
<b>Genitores</b>		<b>Teste de Tukey<sup>2</sup></b>	
NK 7059 RR		37,3 c	
BRS GO 7560		37,7 c	
TMG 801		45,6 b	
BRS Valiosa RR		46,3 b	
Água-Marinha RR		47,6 b	
TMG 803		56,8 a	
Média		46,3	
CV (%)		7,1	

<sup>1</sup>\*\*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

<sup>2</sup>Médias seguidas pela mesma letra minúscula, na coluna, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade

O período de florescimento simultâneo (Tabela 6) dos genitores TMG 801, BRS Valiosa RR, Água-Marinha RR e NK 7059 RR foi de pelo menos 20 dias. No entanto, ao considerar o genitor TMG 803, este período foi satisfatório apenas em comparação com TMG 801, BRS Valiosa RR e Água Marinha RR.

**Tabela 6.** Período e número de dias de florescimento de seis genótipos de soja em casa de vegetação, 2009/2010

<b>Genitores</b>	<b>Período de florescimento</b>	<b>Número de dias de florescimento</b>
TMG 801	27/01/2010 – 20/02/2010	24
TMG 803	14/02/2010 – 28/02/2010	14
BRS Valiosa RR	23/01/2010 – 23/02/2010	31
Água-Marinha RR	28/01/2010 – 24/02/2010	27
NK 7059 RR	19/01/2010 – 14/02/2010	26
BRS GO 7560	11/02/2010 – 15/02/2010	4

Foram efetuadas 672 polinizações artificiais de 14 combinações híbridas em três períodos. 436 vagens sem sépalas foram obtidas, o que corresponde a 64% do total de polinizações realizadas, de 980 sementes.

Na análise das 14 combinações híbridas (Tabela 7), foi possível realizar maior número de polinizações e obter maior número de vagens sem sépalas em sete combinações híbridas, no período das 10:00h às 12:00h. Nesse período, também foi obtido maior número de sementes em nove combinações híbridas. Observou-se menos polinizações efetuadas nas combinações híbridas envolvendo os genitores NK 7059 RR e BRS GO 7560, principalmente nas combinações TMG 803 x NK 7059 RR, TMG 803 x BRS GO 7560 e BRS GO 7560 x NK 7059 RR. A razão disso é que nestas três combinações ocorreram os menores períodos de coincidência de florescimento.

O período de florescimento dessas cultivares se estenderam por, aproximadamente, sete dias após a última data de florescimento (R1) em função do desenvolvimento de botão floral em nós e em racemos. No entanto, o número de polinizações, considerando as 14 combinações híbridas e os três períodos, foi de pelo menos 42 polinizações por dia. Por isso, nas combinações híbridas que envolveram genitores de grupo de maturidade distintos, o número total de polinizações foi inferior aos demais. As opções para contornar essa situação seriam a utilização do controle artificial do fotoperíodo ou o uso da enxertia (Sediyama et al., 1985; Lugão, 1988; Borém et al., 2009).

Os genitores BRS GO 7560 e NK 7059 RR apresentaram semelhança em relação ao número de dias para o florescimento. No entanto, foram realizadas poucas polinizações e obtidas poucas vagens e sementes, principalmente em razão do pequeno número de plantas da BRS GO 7560 disponíveis para efetuar as polinizações. No cruzamento entre BRS GO 7560 e TMG 803, BRS Valiosa RR e Água Marinha RR, o reduzido número de polinizações efetuadas e de vagens e sementes obtidas ocorreu em

função do ciclo de vida dessas cultivares e também devido ao reduzido número de plantas do genitor BRSGO 7560.

No número de vagens sem sépalas obtidas também pode estar incluído o número de vagens resultantes de hibridações com o número de vagens provenientes de autofecundação. Apesar de serem colhidas apenas as vagens sem sépalas, no momento em que foi realizada a polinização artificial, já poderia ter ocorrido a autofecundação. Considerando-se os valores individuais de cada combinação híbrida, nos três períodos de polinização separadamente, cada vagem sem sépalas produziu de uma a 2,7 sementes (média geral = 2,1 sementes/vagem).

**Tabela 7.** Polinizações efetuadas (Pol.) e o número de vagens sem sépalas (Vagens) e de sementes obtidas (Sementes) de 14 combinações híbridas em três períodos, Viçosa-MG, 2009/2010<sup>1</sup>

Períodos	Pol.	Vagens	Sementes	Períodos	Pol.	Vagens	Sementes
<i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i>				<i>TMG 803 x BRSGO 7560</i>			
H1	17	7	18	H1	2	1	2
H2	51	37	90	H2	9	6	12
H3	45	30	79	H3	4	1	1
<i>TMG 801 x Água-Marinha RR</i>				<i>Água-Marinha RR x BRS Valiosa RR</i>			
H1	16	9	23	H1	18	4	9
H2	66	51	119	H2	50	29	51
H3	56	38	97	H3	44	24	46
<i>TMG 801 x NK 7059 RR</i>				<i>NK 7059 RR x BRS Valiosa RR</i>			
H1	3	2	4	H1	5	0	0
H2	14	9	23	H2	38	29	74
H3	14	10	27	H3	40	30	71
<i>TMG 803 x TMG 801</i>				<i>NK 7059 RR x Água-Marinha RR</i>			
H1	5	3	6	H1	0	0	0
H2	14	9	22	H2	20	12	30
H3	6	5	10	H3	25	15	21
<i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i>				<i>BRSGO 7560 x BRS Valiosa RR</i>			
H1	4	2	4	H1	2	2	4
H2	15	8	15	H2	5	4	8
H3	7	5	9	H3	12	10	16
<i>TMG 803 x Água-Marinha RR</i>				<i>BRSGO 7560 x Água-Marinha RR</i>			
H1	4	3	4	H1	2	2	5
H2	18	12	24	H2	9	8	19
H3	10	5	10	H3	16	8	17
<i>TMG 803 x NK 7059 RR</i>				<i>BRSGO 7560 x NK 7059 RR</i>			
H1	0	0	0	H1	0	0	0
H2	2	2	3	H2	1	1	2
H3	2	2	3	H3	1	1	2

<sup>1</sup>H1=8:00h–10:00h, H2=10:00h–12:00h e H3=14:00h–16:00h.

Considerando as combinações híbridas e os períodos de polinização, a germinação das sementes foi superior a 84% em todas as combinações híbridas e obteve-se produção de sementes híbridas em todas as combinações, com exceção da TMG 803 x NK7059 RR (período H1), (Tabela 8).

**Tabela 8.** Número de sementes plantadas, germinadas e confirmadas como híbridas de 14 combinações híbridas em função de três períodos do dia, Viçosa-MG, 2009/2010<sup>1</sup>

Períodos	Sementes			Períodos	Sementes		
	Plantadas	Germinadas	Híbridas		Plantadas	Germinadas	Híbridas
<i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i>				<i>TMG 803 x BRSGO 7560</i>			
H1	9	9	6	H1	2	2	2
H2	45	45	42	H2	8	8	7
H3	45	38	34	H3	1	1	1
<i>TMG 801 x Água-Marinha RR</i>				<i>Água-Marinha RR x BRS Valiosa RR</i>			
H1	12	12	12	H1	3	3	1
H2	60	60	57	H2	51	51	49
H3	45	45	44	H3	46	46	41
<i>TMG 801 x NK 7059 RR</i>				<i>NK 7059 RR x BRS Valiosa RR</i>			
H1	2	2	2	H1	0	0	0
H2	12	12	12	H2	74	74	61
H3	14	14	13	H3	71	69	65
<i>TMG 803 x TMG 801</i>				<i>NK 7059 RR x Água-Marinha RR</i>			
H1	3	3	2	H1	0	0	0
H2	15	14	11	H2	30	28	27
H3	7	7	7	H3	21	18	16
<i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i>				<i>BRSGO 7560 x BRS Valiosa RR</i>			
H1	2	2	2	H1	2	2	2
H2	8	8	8	H2	4	4	4
H3	5	5	3	H3	8	8	7
<i>TMG 803 x Água-Marinha RR</i>				<i>BRSGO 7560 x Água-Marinha RR</i>			
H1	2	2	2	H1	3	3	3
H2	12	12	7	H2	10	10	9
H3	5	5	4	H3	9	9	9
<i>TMG 803 x NK 7059 RR</i>				<i>BRSGO 7560 x NK 7059 RR</i>			
H1	0	0	0	H1	0	0	0
H2	3	3	3	H2	2	2	2
H3	3	3	0	H3	2	2	2

<sup>1</sup>H1=8:00h–10:00h, H2=10:00h–12:00h e H3=14:00h–16:00h.

A correlação entre o número de vagens sem sépalas e o número de sementes híbridas foi de 0,9317 (p<0,01).

Das 14 combinações híbridas, cinco apresentaram maiores porcentagens de vagens sem sépalas em cruzamentos feitos no período de 10:00h-12:00h, três no período de 14:00h-16:00h, três tiveram o mesmo valor nos períodos H2 e H3 e três combinações

híbridas apresentaram maior valor no período H1 (Tabela 9). Uma planta de soja pode emitir até 800 flores, porém a porcentagem de fertilização é baixa, oscilando de 13% a 57% (McGregor, 1976 *Apud* Sedyama et al., 1981). O reduzido número de vagens sem sépalas no período de 8:00h-10:00h foi devido à não liberação do pólen pelas anteras. Por isso, as polinizações têm sido realizadas no período da tarde, quando há maiores índices de sucesso pela maior liberação do pólen (Sedyama et al., 1981; Sedyama et al., 2005; Borém et al., 2009).

Altas temperaturas são uma das causas mais frequentes e importantes do abortamento das vagens. A 40 °C podem ser abortadas de 57% a 71% de vagens (Müller, 1981). Segundo Rosolen (2006), a melhor temperatura para “pegamento” das vagens é de 30 °C durante o dia e de 20°C à noite. No presente trabalho, observou-se tendência de maior PVSS no período de 10:00h-12:00h (com temperatura média de 38,6°C e umidade relativa média igual a 34,1%), seguido pelo período de 14:00h-16:00h. Isso demonstrou que pode haver uma variação da melhor temperatura para obtenção de vagens entre combinação híbrida.

A porcentagem de sementes híbridas (Tabela 9) foi superior a 50% em todas as combinações e períodos de polinização, com exceção de Água-Marinha RR x BRS Valiosa RR e TMG 803 x NK 7059 RR, que apresentaram 33% e 0% de sementes híbridas, respectivamente, no período H1. As combinações híbridas TMG 803 x NK 7059 RR (período H1), NK 7059 RR x BRS Valiosa RR (período H1), NK 7059 RR x Água-Marinha RR (período H1) e BRSGO 7560 x NK 7059 RR (período H3) não produziram sementes porque não foi possível realizar polinização ou porque não foram desenvolvidas vagens sem sépalas. Um operador experiente tem sucesso em cerca de 50% das hibridações e obtém uma semente híbrida por cruzamento, assumindo duas sementes por vagem (Fehr, 1980). Quando for cuidadoso e habilidoso, pode obter porcentagem de sucesso superior a 90% nos cruzamentos realizados (Borém et al., 2009). Segundo Sedyama et al. (1981) e Sedyama et al. (1986), mesmo quando as melhores metodologias são empregadas por técnicos experientes, a porcentagem de cruzamentos bem sucedidos varia grandemente em função das condições ambientais.

O fator habilidade do operador, no caso desta pesquisa, foi de grande importância na obtenção da porcentagem de sementes híbridas. Houve 100% de eficiência de hibridação tanto nos cruzamentos que originaram muitas sementes quanto nos cruzamentos que originaram poucas sementes. Logo, o número de plantas no bloco de cruzamento e o horário das polinizações podem ter influenciado na quantidade de

sementes híbridas produzidas. No entanto, se o operador for muito habilidoso, é possível obter sementes híbridas mesmo quando se dispõe de um número reduzido de plantas dos genitores e quando as polinizações forem efetuadas em horários não adequados.

**Tabela 9.** Porcentagem de vagens sem sépalas (PVSS) e de sementes híbridas (PSH) obtidas de 14 combinações híbridas em três períodos de polinização, Viçosa-MG, 2009/2010

Períodos	PVSS	PSH	Períodos	PVSS	PSH
<i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i>			<i>TMG 803 x BRSGO 7560</i>		
H1	41	67	H1	50	100
H2	73	93	H2	67	88
H3	67	90	H3	25	100
<i>TMG 801 x Água-Marinha RR</i>			<i>Água-Marinha RR x BRS Valiosa RR</i>		
H1	56	100	H1	22	33
H2	77	95	H2	58	96
H3	68	98	H3	55	89
<i>TMG 801 x NK 7059 RR</i>			<i>NK 7059 RR x BRS Valiosa RR</i>		
H1	67	100	H1	0	0
H2	64	100	H2	76	82
H3	71	93	H3	75	94
<i>TMG 803 x TMG 801</i>			<i>NK 7059 RR x Água-Marinha RR</i>		
H1	60	67	H1	0	0
H2	64	79	H2	60	96
H3	83	100	H3	60	89
<i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i>			<i>BRSGO 7560 x BRS Valiosa RR</i>		
H1	50	100	H1	100	100
H2	53	100	H2	80	100
H3	71	60	H3	83	88
<i>TMG 803 x Água-Marinha RR</i>			<i>BRSGO 7560 x Água-Marinha RR</i>		
H1	75	100	H1	100	100
H2	67	58	H2	89	90
H3	50	80	H3	50	100
<i>TMG 803 x NK 7059 RR</i>			<i>BRSGO 7560 x NK 7059 RR</i>		
H1	0	0	H1	0	0
H2	100	100	H2	100	100
H3	100	0	H3	100	100

H1=8:00h–10:00h, H2=10:00h–12:00h e H3=14:00h–16:00h.

Houve maior porcentagem de vagens se sépalas (PVSS) no período H2 (10:00h-12:00h), seguido de perto pelo H3 (14:00h-16:00h). Em H2, a temperatura média foi de 38,6°C e a umidade relativa de 34,1% (Tabela 10). Resultado semelhante foi observado em relação à porcentagem de sementes híbridas (Tabela 10). A média da PVSS foi superior ao identificado por Volmann et al. (1992). Esses autores

identificaram as vagens provenientes de polinização artificial com base na ausência de sépalas e, posteriormente, realizaram o plantio das sementes dessas vagens para quantificar o número de plantas híbridas pela análise da cor do hipocótilo. Aproximadamente 64% das vagens contendo sementes híbridas foram obtidas quando as flores femininas foram emasculadas e polinizadas, e somente 18% de eficiência quando as polinizações foram realizadas a olho nu e sem emasculação (Volmann et al., 1992).

**Tabela 10.** Número total de polinizações efetuadas (Polinizações), de vagens sem sépalas obtidas (Vagens), de número de sementes (Sementes), de sementes plantadas (Semen. Plantadas), de sementes germinadas (Semen. germinadas), de sementes híbridas confirmadas (Semen. híbridas) e médias da porcentagem de vagens sem sépalas (PVSS) e de sementes híbridas (PSH), das 14 das combinações híbridas, em três períodos de polinização, Viçosa-MG, 2009/2010

	Períodos de polinização <sup>1,2</sup>			Total
	H1	H2	H3	
Polinizações	78 (11,6%)	312 (46,4%)	282 (42,0%)	672
Vagens	35 (8,0%)	217 (49,8%)	184 (42,2%)	436
Sementes	79 (8,1%)	492 (50,2%)	409 (41,7%)	980
Semen. Plantadas	40 (6,1%)	334 (50,9%)	282 (43,0%)	656
Semen. Germinadas	40 (6,2%)	331 (51,6%)	270 (42,2%)	641
Semen. Híbridas	34 (5,9%)	299 (51,6%)	246 (42,5%)	579
PVSS	44	73	68	
PSH	62	91	84	

<sup>1</sup>H1:8:00h-10:00h, H2:10:00h-12:00h e H3:14:00h-16:00h;

<sup>2</sup>Valores entre parênteses indicam, em porcentagem, a representabilidade de cada valor em relação ao total de cada item.

Logo, as maiores porcentagens de vagens sem sépalas e sementes híbridas foram obtidas no período H2 (10:00h-12:00h), seguido pelo H3 (14:00h-16:00h), considerando 14 combinações híbridas, duas variáveis (PVSS e PSH) e três períodos de polinização. No H2 houve melhores condições ambientais (umidade relativa e temperatura do ar) que em H3, tanto para as plantas quanto para o operador, o que colaborou para a eficiência da hibridação. Isto é, houve maior liberação de pólen e maior facilidade na identificação de flores femininas em estágio adequado associado às melhores condições de trabalho. Além disso, a maior eficiência das polinizações ocorreu quando se utilizou genitores de grupo de maturidade relativa semelhantes.

#### 4. CONCLUSÕES

As hibridações artificiais realizadas em janeiro, no período das 10:00h às 12:00h, com umidade relativa média de 34,1% e temperatura média de 38,6°C, foram as mais eficientes, seguido do período das 14:00h às 16:00h, com umidade relativa média de 30,7% e temperatura média de 41,7°C.

A eficiência das hibridações artificiais foi influenciada pela diferença entre grupos de maturidades dos genitores e o número de plantas de cada genitor.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Barros, A.L.M.; Menegatti, A.L. Tendências de médio prazo para o mercado da soja no Brasil e no mundo. In: Hiromoto, D.M.; Caju, J.; Camacha, S.A. (Eds.). **Fundação MT – Boletim de Pesquisa de Soja 2010**. Rondonópolis: Fundação MT, 2010, p.218-274.

Borém, A.; Almeida, L.A.; Kiihl, R.A.S. Hibridação em soja. In: Borém, A. (Ed.) **Hibridação artificial de plantas**. 2.ed., Viçosa: Editora UFV, 2009, p.514-536.

CONAB [Companhia Nacional do Abastecimento]. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos**. Quarto levantamento. Conab: Brasília-DF, janeiro, 2012. Disponível em: < [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_01\\_10\\_10\\_53\\_02\\_oletim\\_graos\\_4o\\_levantamento.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_10_10_53_02_oletim_graos_4o_levantamento.pdf)> Acesso em: 20 de janeiro de 2012.

CONAB [Companhia Nacional do Abastecimento]. **Séries históricas: Cultura da Soja**. 2011. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11\\_04\\_12\\_11\\_17\\_51\\_sojaseriehist.xls](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_04_12_11_17_51_sojaseriehist.xls)> Acesso em: 26 de abr. 2011.

Cruz, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Viçosa: Editora UFV, 382p., 2006.

Fehr, W.R. Soybean. In: Fehr, W.R.; Hadley, H. (Eds.) **Hybridization of crop plants**. Madison, WI:ASA, 1980, p.589-599.

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

FUNDAÇÃO MT. **Cultivares de soja**. 2011 Disponível em: < <http://www.fundacaomt.com.br/soja/>> Acesso em: 14 de maio de 2011.

Johnson, H.W.; Bernard, R.L. Soybean genetics and breeding. In: Norman, A.G. (Ed.) **The soybean**. New York: Academic Press Inc, 1963, p.1-73.

Lugão, S.M.B. **Eficiência da enxertia na precocidade de floração de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) para fins de hibridação**. 1988. 61f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1988.

Miyasaka, S.; Silva, J.G. Melhoramento da Soja II: Melhoramento por hibridação. **Bragantia**, v.17, n.16, p.213-224, 1958.

Müller, L. Taxonomia e morfologia. In: Miyasaka, S.; Medina, J.C. (Eds.) **A soja no Brasil**. 1. ed., Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981, p.65-104.

Rosolem, C.A. Ecofisiologia da Soja In: Suzuki, S.; Yuyama, M.M.; Camacho, S.A. (Eds.). **Fundação MT – Boletim de Pesquisa de Soja 2006**. Editora: Fundação MT, Rondonópolis, 2006, p.41-51.

Sediyama, T.; Almeida, L.A.; Miyasaka, S.; Kiihl, R.A.S. Genética e Melhoramento. In: Miyasaka, S.; Medina, J.C. (Eds.) **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981, p.209-226.

Sediyama, T.; Almeida, L.A.; Miyasaka, S.; Kiihl, R.A.S. Genética e Melhoramento. In: **A soja no Brasil Central**. Campinas: Fundação Cargil, 1986, p.21-74.

Sediyama, T.; Pereira, M.G.; Sediyama, C.S.; Gomes, J.L.L. **Cultura da soja – Parte I**. Viçosa: Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 96p., 1985.

Sediyama, T.; Teixeira, R.C.; Barros, H.B. Origem, evolução e importância econômica. In: Sediyama, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Editora Mecenias, 2009, p.1-5.

Sediyama, T.; Teixeira, R.C.; Reis, M.S. Melhoramento da Soja. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed., Viçosa: Editora UFV, 2005, p.551-603.

Souza, P.I.M.; Toledo, J.F.F.; Moreira, C.T.; Farias Neto, A.L.; Abud, S.; Arantes, N.E.; Mello Filho, O.L.; Carneiro, G.E. De S.; Monteiro, P.M.F.O.; Arias, C.A.A.; Kaster, M.; Oliveira, M.F.; Pípolo, A.E.; Brogin, R.L.; Nunes Júnior, J.; Abdelnoor, R.V.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Andrade, P.J.M.; Carrão-Panizi, M.C.; Dias, W.P.; Moreira, J.U.V.; Neiva, L.C.S.; Nunes, M.R.; Seii, A.H.; Silva, L.O.; Silva, N.S.; Teixeira, R.N.; Soares, R.M.; Toledo, R.M.C.P.; Vieira, N.E. BRSGO 7560: Primeira cultivar de soja resistente à ferrugem-asiática indicada pela Embrapa e parceiros. In: V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009, 2009, Goiânia - GO. **Anais do V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009**, 2009

SYNGENTA SEEDS. **Cultivares de soja**. (2011) Disponível em:<<http://www.syngenta.com/country/br/pt/produtosemarcas/sementes/grandes-culturas/soja/Pages/home.aspx>> Acesso em 14 de maio de 2011.

Tancredi, F.D.; Sediyama, T.; Reis, M.S.; Cecon, P.R.; Teixeira, R.C. Influência da remoção do meristema apical sobre os componentes de produtividade em população de soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.26, n.1, p.113-119, 2004.

Tancredi, F.D.; Sediyama, T.; Reis, M.S.; Cecon, P.R.; Teixeira, R.C. Efeito da remoção do meristema apical no crescimento e desenvolvimento de plantas de soja em condições de casa de vegetação. **Bioscience Journal**, n.22, v.2, p.53-60, 2006.

Vollmann, J.; Gruber, H.; Gretzamancher, R.; Ruckenbauer, P. Note on the efficiency of artificial hybridization in soybean. **Bodenkultur**, v.43, n.2, p.123-127, 1992.

### **Capítulo 3**

## **ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM GENÓTIPOS DE SOJA E ESTUDO DA HERANÇA E IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES LIGADOS AO GENE DE RESISTÊNCIA DA CULTIVAR TMG 803 AO AGENTE CAUSADOR DA FERRUGEM ASIÁTICA**

## RESUMO

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2012. **Estimativa de parâmetros genéticos em genótipos de soja e estudo de herança e identificação de marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência da cultivar TMG 803 ao agente causal da ferrugem-asiática.** Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

O desenvolvimento de cultivares de soja resistentes à ferrugem-asiática é um dos objetivos dos programas de melhoramento genético. Logo, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e a identificação de marcadores moleculares são importantes na definição de estratégias de seleção. Assim, objetivou-se estimar a herdabilidade, o ganho de seleção e a média da população melhorada para caracteres avaliados e estudar a segregação da população  $F_2$  e identificar marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência da TMG 803 à FAS. Os experimentos foram conduzidos em campo sob dois manejos (sem e com controle do patógeno com fungicida) e, as análises moleculares, em laboratório. Para a estimativa dos parâmetros genéticos foram analisadas populações  $F_2$  do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR. Foram avaliados caracteres fenotípicos e os relacionados com a resistência. Os parâmetros estimados foram média, variância fenotípica, variância ambiental, variância genotípica, herdabilidade (sentido amplo), ganho por seleção e predição da média da população melhorada. Para o estudo da segregação e identificação de marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência, foram analisadas plantas do cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR cuja FAS não foi controlada com fungicida. As plantas, no campo, foram discriminadas fenotipicamente pelas reações RB e TAN, as quais foram testadas pelo teste qui-quadrado. Na análise molecular, foram utilizados 16 marcadores microssatélites ligados aos cinco locos de resistência da soja à FAS. Com os dados dos marcadores polimórficos realizou-se o teste de aderência ao modelo de um gene codominante, pelo teste qui-quadrado, análise de ligação e construção do mapa. Utilizou-se a função de mapeamento de Kosambi, LOD maior que 3,0 e distância máxima de 30,0cM. Foi calculada a eficiência de seleção dos genótipos resistentes com base nos marcadores. Os genitores TMG 801 e TMG 803 apresentaram maior resistência à FAS em relação ao genitor BRS Valiosa RR. Os resultados indicaram possibilidade de seleção em gerações precoces dos programas de melhoramento. Dos 16 marcadores microssatélites testados, dois (Satt191 e sc21\_3420)

foram utilizados nas análises. O gene de resistência da cultivar TMG 803 foi mapeado a 0,0 cM do marcador sc21\_3420 e, essas marcas, foram mapeadas a 20,4 cM do marcador Satt191. Conclui-se que a magnitude da herdabilidade indicou possibilidade de ganhos por seleção e sucesso na identificação de indivíduos com menores porcentagens da área infectada do folíolo mais infectado e da evolução da ferrugem na planta nas gerações precoces dos programas de melhoramento; as estimativas de herdabilidades de dias do plantio ao florescimento, altura de planta no florescimento, dias do plantio à maturação, altura de planta na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e peso de sementes foram maiores no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR; os maiores ganhos por seleção preditos foram obtidos nos experimentos sem aplicação de fungicida, nos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR; a análise, em conjunto, da segregação e do mapeamento indicou que a resistência da cultivar TMG 803 à ferrugem asiática da soja é governada por um gene com dominância completa; o gene de resistência presente na cultivar TMG 803 foi mapeado no *loco* de resistência *Rpp4*, no grupo de ligação G, e o marcador microssatélite sc21\_3420 pode ser indicado para seleção assistida de genótipos de soja visando a introgressão da resistência da TMG 803.

## ABSTRACT

MATSUO, Éder, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, February, 2012. **Estimation of genetic parameters in soybean genotypes and study of heredity and genetic mapping of TMG 803 cultivar resistance to the causative agent of Asian rust.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-Advisers: Cosme Damião Cruz e Sérgio Hermínio Brommonschenkel.

The development of resistant soybean cultivars to Asian rust is one of the goals of breeding programs. Therefore, the obtainment of genetic parameters estimate and the identification of molecular markers are important in the selection strategies definition. Thus, our objective was to estimate the heritability, the selection gain and the average improved population for avaliated characters, study the segregation of the F2 population and identify microsatellite markers linked to resistance gene from TMG 803 to ASR. The experiments were conducted at field under two cropping systems (with and without pathogen control with fungicide), and molecular analyzes in laboratory. For the estimation of genetic parameters were analyzed F2 populations of crossing TMG 801 x BRS Valuable RR and TMG 803 x BRS Valuable RR. Phenotypic characteristics were analyzed and related to resistance. The estimated parameters were average, phenotypic variance, environmental variance, genotypic variance, heritability (wide meaning), gain for selection and prediction of the improved population. In order to study the segregation and identify microsatellite markers linked to the resistance gene, were analyzed the following crossing plants TMG 803 x BRS Valuable RR whose ASR was not controlled with fungicide. Plants, at field, were discriminated phenotypically by RB and TAN reactions, which were tested by chi-square test. In the molecular analysis, it was used 16 microsatellite markers at five locus of soybean resistance to ASR. With the data of polymorphic markers was performed the adherence test to a codominant gene model, by the chi-square, linkage analysis and map construction. It was used the mapping function Kosambi, LOD greater than 3,0 and a maximum distance of 30,0 cM. It was calculated the efficiency of resistant genotypes selection based on markers. Genitors TMG 801 and TMG 803 showed greater resistance to ASR in relation to genitor BRS Valuable RR. The results indicated the possibility of selection in precocious generations of breeding programs. Out of the sixteen microsatellite markers tested, two (sc21\_3420 and Satt191) were used in analysis. The resistance gene in cultivar TMG 803 was mapped to 0,0 cM marker sc21\_3420, and these markers were mapped to 20,4 cM from Satt191 marker. It is concluded that the magnitude of

heritability indicated the possibility of selection gains and success in identifying individuals with lowest percentages of the most infected leaflet's infected area and the rust evolution on the plant in precocious generations of breeding programs, heritabilities estimated of days from planting to flowering, plant height at flowering, days from planting to maturity, plant height at maturity, number of pods per plant, number of seeds per plant and seed weight were higher in the crossing TMG 803 x BRS Valuable RR; the largest selection gains predicted were obtained in experiments without fungicide application, in the crossings TMG 801 x BRS Valuable RR and TMG 803 x BRS Valuable RR; the analysis, together, of segregation and mapping indicated that the cultivar resistance TMG 803 to Asian soybean rust is conducted by a gene with complete dominance, the resistance gene in cultivar TMG 803 was mapped inRpp4 resistance locus, in the linkage group G, and microsatellite marker sc21\_3420 can be indicated for assisted selection of soybean genotypes aiming the introgression of TMG 803 resistance.

## 1. INTRODUÇÃO

A agricultura tem sido considerada de grande importância econômica em diversos países. No Brasil, não é diferente. Pode-se afirmar que a cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merr.) é uma das mais importantes do país e do mundo. O Brasil é considerado o segundo maior produtor mundial, com potencial para se tornar o maior do mundo (Sediyama et al., 2009b, Barros e Menegati, 2010). Isso porque tem havido um incremento na produção da soja nos últimos anos, principalmente no tocante à produtividade.

A estimativa de área plantada para a safra de 2011/2012 é de 24.634,7 hectares e a estimativa de produção é de 71.751,3 toneladas (Conab, 2012). Em janeiro/2012, no Brasil, as lavouras de soja encontram-se em diferentes estádios de desenvolvimento. Portanto, a estimativa de produção pode ainda ser afetada por condições climáticas desfavoráveis, ataque de pragas e doenças, perdas na colheita e na pós-colheita, entre outros fatores.

Com relação a doenças, essa produção pode ser reduzida em determinadas regiões em aproximadamente 15% a 20%, podendo chegar a 100% (Embrapa, 2011). Essa estimativa depende dos fitopatógenos presentes nas áreas, que podem ocorrer em diferentes níveis e oscilarem de safra a safra (Dhingra et al., 2009). Entre as doenças da cultura da soja limitantes à obtenção de maior produção e produtividade, destaca-se a ferrugem asiática (FAS), causada por *Phakopsora pachyrhizi* Sydow & Sydow (Costa et al., 2008a; Dhingra et al., 2009; Embrapa, 2011).

A FAS foi relatada pela primeira vez no Paraná, na safra de 2000/2001 (Yorinori et al., 2005). Na safra de 2005/2006 o seu impacto econômico foi estimado em US\$ 1,75 bilhão (Henning e Godoy, 2006). Visando o controle, Zambolim (2006) relatou que, apesar de haver grande variabilidade do patógeno, o emprego de variedades resistentes é um método eficiente no manejo da FAS.

Até o presente momento, cinco locos de resistência de efeito principal (*Rpp1*, *Rpp2*, *Rpp3*, *Rpp4* e *Rpp5*) foram identificados (Bromfield e Hartwig, 1980; McLean e Byth, 1980; Bromfield e Melching, 1982; Hartwig, 1986; Garcia et al., 2008). No loco *Rpp1*, foram identificados alelos de resistência alternativos (*Rpp1?* e *Rpp1-b*) (Chakraborty et al., 2009; Ray et al., 2009). Uma das mais importantes decisões do melhorista é identificar, entre e dentro das diversas populações segregantes

desenvolvidas, a linhagem superior, preferencialmente nas gerações iniciais do programa de melhoramento (Ribeiro et al., 2009).

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental para permitir identificar a natureza da ação dos diferentes genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2006). A herdabilidade é a proporção da variância fenotípica atribuída à causa genética e o ganho de seleção pode ser estimado a partir do diferencial de seleção praticado e da herdabilidade do caráter (Cruz e Carneiro, 2006). Esses dois parâmetros são importantes para os programas de melhoramento por possibilitar a predição do sucesso com a seleção. No entanto, são específicas para as condições experimentais nas quais os genótipos foram analisados.

As pesquisas têm se concentrado na obtenção de cultivares resistentes com genes de efeito principal à FAS. Para isso, a seleção assistida por marcadores moleculares pode ser eficaz na identificação de genótipos resistentes nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento (Alzate-Marin et al., 2005 e Costa et al., 2008a).

Em soja, como em outras culturas, marcadores moleculares de DNA vêm sendo utilizados com sucesso, sendo os microssatélites e os SNPs os mais empregados nas análises de seleção e mapeamento de regiões genômicas associadas a genes e a QTLs. Os marcadores microssatélites são utilizados para mapear a resistência do hospedeiro a doenças de soja devido ao seu elevado polimorfismo, codominância, reprodutibilidade e boa distribuição em todo o genoma (Song et al., 2004; Ferreira e Grattapaglia, 1998).

Atualmente, no Brasil, seis cultivares de soja com resistência à ferrugem asiática já foram lançadas. A TMG 801, a TMG 803, a TMG 7188 RR, a TMG 7161 RR e a TMG 7262 RR pela Fundação MT e parceiros (Siqueri et al., 2011 e TMG, 2012). A BRSGO 7560 pela Embrapa e parceiros (Souza et al., 2009). Além destas, as cultivares UFUS 8011, UFUS 8710 (Impacta) e UFUS Milionária são consideradas como tolerantes à *P. pachyrhizi* (UFU-PMGS, 2012). Esses materiais têm sido conduzidos e avaliados constantemente em campo. No entanto, não foi encontrado na literatura qual é o gene que confere resistência às cultivares TMG 801, TMG 803 e BRSGO 7560. Diante disso, os objetivos foram:

1. Estimar a herdabilidade, o ganho de seleção e a média da população melhorada, para caracteres relacionados com a resistência e caracteres fenotípicos

avaliados nas populações F<sub>2</sub> desenvolvidas a partir do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR;

2. Estudar a segregação da população F<sub>2</sub>, do cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR e identificar marcadores moleculares microssatélites ligados ao gene de resistência da TMG 803 à ferrugem asiática da soja.

## 2. MATERIAIS E MÉTODOS

Os materiais genéticos utilizados neste trabalho originaram-se de cruzamentos entre cultivares contrastantes com relação à FAS. Utilizaram-se, como genitores, as cultivares TMG 801, TMG 803 e BRS Valiosa RR. Estudos preliminares (Capítulo 1 deste trabalho) indicaram que as cultivares TMG 801 e TMG 803 apresentaram reação de resistência à FAS, em Viçosa-MG, e foram divergentes em relação à BRS Valiosa RR. Por isso, foram consideradas promissoras para ser utilizadas como fontes de genes de resistência. Os cruzamentos realizados foram TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR.

As plantas F<sub>1</sub> foram conduzidas em casa de vegetação do Programa Melhoramento Genético de Soja do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, de acordo com as recomendações da cultura (Embrapa, 2008). O plantio foi realizado em 28 de julho de 2010 e, no momento da colheita, cada planta foi debulhada separadamente.

As sementes F<sub>2</sub> foram plantadas em campo, no Campo Experimental Diogo Alves de Mello do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. Para cada cruzamento, foram conduzidos dois experimentos: com e sem o controle do patógeno com fungicida.

O plantio das sementes F<sub>2</sub> e dos genitores foi realizado em fileiras de dois metros de comprimento, espaçadas de 0,80 m, com cinco plantas por metro. Foi plantada uma fileira de bordadura ao redor de todo os experimentos e uma fileira entre os cruzamentos, com sementes da cultivar BRS Valiosa RR. A condução das plantas foi realizada conforme recomendações técnicas da cultura (Embrapa, 2008), com exceção da parcelas com aplicação do fungicida para controle da *P. pachyrhizi*. Efetuou-se irrigação suplementar, por aspersão, de acordo com as necessidades da cultura.

As plantas foram infectadas por *P. pachyrhizi*. No manejo da cultura com controle do patógeno com fungicida, procedeu-se a primeira aplicação de forma

preventiva, isto é, antes da detecção da FAS no experimento. As demais aplicações do fungicida foram realizadas conforme recomendação técnica. Utilizou-se de forma alternada os princípios ativos: trifloxistrobina + ciproconazol e trifloxistrobina + tebuconazol, de acordo com as recomendações do fabricante. A colheita das plantas nas parcelas foi realizada no estágio R8 (Fehr e Caviness, 1977), cortando-se a haste principal rente ao solo. As plantas foram levadas ao laboratório, onde permaneceram até que o teor de água das sementes atingisse 14%.

A coleta de dados foi realizada da seguinte forma:

- a. Para a estimação de parâmetros genéticos foram analisadas todas as plantas (TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR);
- b. Para o estudo da segregação e da identificação de marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência da TMG 803 foram analisadas as plantas, do cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR, cuja FAS não foi controlada com fungicida.

O número de plantas dos genitores e de plantas F<sub>2</sub> de cada cruzamento, utilizado para a estimação de parâmetros genéticos, está apresentado na Tabela 1.

**Tabela 1.** Plantas de soja, dos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR, analisadas em campo, infectadas com ferrugem asiática, em experimentos com e sem controle do patógeno com fungicida, Viçosa-MG, 2010/2011

<b>Genótipos</b>	<b>Sem controle do patógeno</b>	<b>Com controle do patógeno</b>
----- <i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i> -----		
TMG 801	35	35
BRS Valiosa RR	40	36
Plantas F <sub>2</sub>	123	117
----- <i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i> -----		
TMG 803	38	37
BRS Valiosa RR	38	37
Plantas F <sub>2</sub>	120	121

Foram realizadas as seguintes anotações e avaliações:

### **Estimação de parâmetros genéticos**

#### *Caracteres relacionados com a resistência*

- a) *Área infectada do folíolo mais infectado (PAIFMI) (%)*. Realizaram-se cinco avaliações (1 avaliação/semana) com base na escala diagramática proposta por Godoy et al. (2006). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento dos sintomas da ferrugem no experimento.
- b) *Evolução da ferrugem na planta (EFP)*. Foram realizadas cinco avaliações (1 avaliação/semana) com base em escala de notas (Tabela 2). A primeira avaliação foi realizada no dia do aparecimento dos sintomas da ferrugem no experimento.

**Tabela 2.** Escala de notas para avaliar a evolução da *P. pachyrhizi* na planta de soja, infectada em campo

<b>Notas</b>	<b>Detalhes<sup>1,2</sup></b>
1,0	= Ausência de lesão na planta.
2,0	= Presença de lesão no folíolo localizado a 25% da altura de planta.
3,0	= Presença de lesão no folíolo localizado a 50% da altura de planta.
4,0	= Presença de lesão no folíolo localizado a 75% da altura de planta.
5,0	= Presença de lesão no folíolo localizado a 100% da altura de planta.

<sup>1</sup>Considerou-se 0% da altura de planta = altura rente ao solo; <sup>2</sup>As porcentagens intermediárias às citadas também foram consideradas.

#### *Caracteres fenotípicos*

- a) *Dias para a floração (NF)*: anotado com base na data de plantio e no estágio de desenvolvimento R1 (Fehr e Caviness, 1977).
- b) *Altura de planta na floração (APF) (cm)*: mediu-se a haste principal da planta, a partir do solo até o último nó visível, no estágio de desenvolvimento R1 (Fehr e Caviness, 1977).
- c) *Dias para a maturação (NM)*: anotado com base na data de plantio e no estágio de desenvolvimento R8 (Fehr e Caviness, 1977).
- d) *Altura de planta na maturação (APM) (cm)*: mediu-se a haste principal da planta, a partir do solo até o último nó visível, no estágio de desenvolvimento R8 (Fehr e Caviness, 1977).

- e) *Número de vagens (NV)*: após a colheita, contou-se o número de vagens com sementes preenchendo a cavidade da vagem.
- f) *Sementes por planta (NS)*: após a debulha das vagens, contaram-se as sementes produzidas na planta.
- g) *Peso de sementes por planta (PS)*: após a contagem do número sementes produzidas na planta, pesaram-se as sementes de cada planta em balança com precisão de 0,001g.

Obtiveram-se as estimativas dos seguintes parâmetros: média, variância fenotípica, variância ambiental, variância genotípica, herdabilidade (sentido amplo), ganho por seleção e predição da média da população melhorada.

A variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_f^2$ ) foi estimada utilizando os valores fenotípicos obtidos das plantas F<sub>2</sub>, segundo a expressão:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{\sum (X_{i(F2)} - \bar{X}_{(F2)})^2}{n - 1}$$

Em que:

$X_{i(F2)}$  = Dados fenotípicos, da variável *i*, avaliados em cada planta F<sub>2</sub>;

$\bar{X}_{(F2)}$  = Média da variável *i* avaliada nas plantas F<sub>2</sub>; e

**n** = Número de plantas avaliadas.

A variância ambiental ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) foi obtida pela média da variância fenotípica dos genitores:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_{P1}^2 + \hat{\sigma}_{P2}^2}{2}$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{P1}^2$  = Variância fenotípica estimada para o genitor 1

$\hat{\sigma}_{P2}^2$  = Variância fenotípica estimada para o genitor 2

A variância genotípica ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) foi estimada pela diferença entre as estimativas de variância fenotípica e da variância ambiental, de acordo com a fórmula:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \hat{\sigma}_f^2 - \hat{\sigma}_p^2$$

A herdabilidade (sentido amplo) ( $h_a^2$ ) foi estimada, segundo a expressão:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

Os ganhos de seleção esperados ( $GS$ ) foram estimados, utilizando-se as expressões, considerando a seleção de 20% dos indivíduos da população  $F_2$ :

$$GS = h_a^2 \cdot DS$$

Em que:

$$DS = \text{Diferencial de seleção} = \bar{X}_{F_2}^S - \bar{X}_{F_2}$$

$\bar{X}_{F_2}^S$  = Média dos indivíduos selecionados população  $F_2$ ; e

$\bar{X}_{F_2}$  = Média da população  $F_2$ .

$$GS_{\%} = \frac{GS \cdot 100}{\bar{X}_{F_2}}$$

Em que:

$GS_{\%}$  = Ganho de seleção (em porcentagem)

A média predita do primeiro ciclo ( $\bar{X}_{c1}$ ) de cultivo dos indivíduos selecionados pode ser obtida pela expressão:

$$\bar{X}_{c1} = \bar{X}_{F_2} + GS$$

As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes: Biometria (Cruz, 2006).

### **Análise de segregação e mapeamento**

O material genético utilizado para o estudo da segregação e identificação de marcadores microssatélites ligados ao gene de resistência presente na TMG 803 foi uma população  $F_2$  com 116 indivíduos, derivada do cruzamento entre as cultivares TMG 803 e BRS Valiosa RR.

As plantas foram infectadas com a população de *P. pachyrhizi* presente na área. Após o aparecimento dos sintomas, plantas resistentes e suscetíveis foram discriminadas pelas reações típicas da FAS (RB: resistentes; TAN: suscetíveis). Os dados da avaliação fenotípica foram submetidos ao teste de aderência ao modelo de segregação 3:1 e 13:3, pelo teste qui-quadrado, a 5% de probabilidade.

O DNA das plantas foi extraído de folhas, seguindo o método CTAB (Doyle e Doyle, 1987) com algumas alterações. A integridade e a concentração do DNA foram verificadas em gel de agarose (1%) corado com brometo de etídeo. Com base na concentração estimada, procedeu-se à diluição das amostras, em H<sub>2</sub>O Mili-Q autoclavada, para concentração final de 5 ng/μL, para serem utilizadas com solução de trabalho. Parte de cada uma das amostras foi estocada, sem diluir, a -20 °C para uso posterior.

Como não foi identificado na literatura qual é o gene resistente presente na TMG 803, selecionaram-se marcadores microssatélites ligados aos cinco locos de resistência da soja à FAS. Assim, foram testados 16 marcadores microssatélites (loco *Rpp1*: Satt191, Sct\_187 e Sat\_372; loco *Rpp2*: Satt620, Sat\_255, Sat\_165 e Satt622; loco *Rpp3*: Satt460 e Satt708; loco *Rpp4*: Satt612, sc21\_3360, sc21\_3420, sc21\_4058 e sc21\_4808; loco *Rpp5*: Sat\_166 e Sat\_275) para verificar o polimorfismo entre os genitores (TMG 803 e BRS Valiosa RR). A informação de sequência dos marcadores, para todos os marcadores microssatélites utilizados, pode ser encontrada no site Soybase (<http://soybase.agron.iastate.edu/resources/ssr.php>).

Inicialmente, procedeu-se a análise dos genitores com os marcadores selecionados. Após a identificação de polimorfismo, foram analisados 10 indivíduos resistentes e 10 suscetíveis, de acordo com a metodologia BSA (*Bulked Segregant Analysis*) desenvolvida por Michelmore et al. (1991). Salienta-se que os indivíduos foram analisados separadamente, sem a mistura de DNA para a formação dos *bulks*. Os marcadores SSR que se mostraram polimórficos entre os genitores e entre os *bulks* (resistentes e suscetíveis) foram considerados potenciais para a avaliação das plantas F<sub>2</sub>.

As reações de amplificação foram realizadas no termociclador GeneAmp PCR System 9700, em volume final de 20 μL, contendo 6,0 μL de DNA a 5ng/μL de DNA genômico de soja, 2,0 μL de Tampão 10X, 1,2 μL de MgCl<sub>2</sub> a 1,25 mM/μL, 1,6 μL de dNTP a 2,5 mM/μL, 0,8 μL de *primer* a 10 μM (mistura de *Reverse* e *Foward*) e 0,1 μL de Taq (5 U/μL). O programa utilizado para amplificação do DNA constituiu de desnaturação inicial a 94 °C/5min, seguidos de 40 ciclos de desnaturação a 94 °C/40s.

Nesta etapa, a temperatura de anelamento dos marcadores variou de 50°C a 61,3°C (Tabela 3) e a 72°C/40s para amplificação do DNA. O final do programa consistiu de polimerização a 72°C/25min.

**Tabela 3.** Temperatura de anelamento dos marcadores utilizados no estudo

Marcadores	Temperatura de Anelamento (°C)	Marcadores	Temperatura de Anelamento (°C)
Satt191	55,0	Satt708	50,0
Sct_187	60,0	Satt612	55,0
Sat_372	52,0	sc21_3360	50,0
Satt620	60,0	sc21_3420	50,0
Sat_255	50,0	sc21_4058	55,0
Sat_165	55,0	sc21_4808	55,0
Satt622	50,0	Sat_166	55,0
Satt460	61,3	Sat_275	59,5

O produto da PCR foi, inicialmente, analisado em gel de agarose (1%) corados com brometo de etídeo. A visualização foi realizada em um transluminador de luz ultravioleta. Verificado o sucesso, o produto da PCR foi diluído em H<sub>2</sub>O Mili-Q autoclavada e analisado em sequenciador automático de DNA modelo ABI3100 ou, quando possível, a análise foi realizada diretamente no gel de agarose. O tamanho dos fragmentos amplificados em pares de bases, quando analisados no sequenciador automático, foi estimado com o programa GeneMapper versão 3.5.

Os marcadores microssatélites amplificados em todos os indivíduos F<sub>2</sub> foram submetidos ao teste de aderência ao modelo de um gene codominante, pelo teste qui-quadrado, a 5% de probabilidade. A análise de ligação e a construção do mapa foram realizadas com o auxílio do programa GQMOL (v.2008.6.1) (Schuster e Cruz, 2008), com a função de mapeamento de Kosambi. O critério de ligação foi um LOD score maior que 3,0 e a distância máxima de 30,0 cM.

A eficiência de seleção ( $ES_{\%}$ ) dos marcadores microssatélites, identificado no estudo, foi calculada de acordo com Silva et al. (2007). Estudos semelhantes foram realizados por Brogin (2005), Silva et al. (2007) e Morceli et al. (2008).

$$ES_{\%} = \left( \frac{MFMF + mfmf}{TP} \right) \times 100 \quad , \text{ em que:}$$

$MFMF$  = Plantas selecionadas corretamente, como resistentes, com base na análise dos marcadores e na avaliação fenotípica;

***mfmf*** = Plantas selecionadas corretamente, como suscetíveis, com base nos marcadores e na avaliação fenotípica;

***TP*** = Total de plantas analisadas;

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se um aumento das médias, da PAIFMI e EFP, das duas populações segregantes e dos genitores à medida que se aumentou o número de dias após o aparecimento da ferrugem. Observou-se maior resistência dos genitores TMG 801 e TMG 803 em relação ao genitor BRS Valiosa RR. Os valores da PAIFMI e EFP na avaliação 5, no genitor BRS Valiosa RR, foram superiores a 73% e 4,9, respectivamente (Tabela 4). Isso confirma que a quantidade e qualidade do inóculo presente na área e as condições ambientais foram favoráveis para o desenvolvimento da doença.

O número de dias do plantio até a maturação variou de 111,0 a 128,9 (Tabela 4). A maioria das cultivares adaptadas para as condições brasileiras de cultivo apresenta o ciclo em torno de 90 a 150 dias (Sedyama et al., 2005; Sedyama et al., 2009a).

A altura das plantas obtidas na população F<sub>2</sub> e genitores do cruzamento TMG 801 e BRS Valiosa RR variou de 40 cm a 53 cm. Enquanto que para o cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR, a magnitude da altura das plantas variou de 47 cm a 65 cm (Tabela 4). Para colheita mecanizada em solos relativamente planos, é desejável que a altura de planta seja em torno de 50 cm a 60 cm. Em solo mais acidentados, recomenda-se altura das plantas em torno de 70 cm a 80 cm (Sedyama et al., 2005; Sedyama et al., 2009a).

**Tabela 4.** Média da porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (avaliações 1, 2, 3, 4 e 5), da evolução da ferrugem na planta (avaliações 1, 2, 3, 4 e 5), dos dias para o florescimento (DF), da altura de planta no florescimento (APF), dos dias para a maturação (DM), da altura de planta na maturação (APM), das vagens por planta (NVP), das sementes por planta (NS), do peso de sementes por planta (PS), das cultivares TMG 801, TMG 803, BRS Valiosa RR, nas populações F<sub>2</sub>, em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Genótipos/ População	Porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado					
	Av. 1 (%)	Av. 2 (%)	Av. 3 (%)	Av. 4 (%)	Av. 5 (%)	
$\bar{X}_{TMG\ 801}$	6,9	11,0	40,1	39,1	44,2	
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	10,1	18,9	52,3	61,2	76,0	
$\bar{X}_{F2}$	8,9	14,4	44,6	46,9	63,9	
$\bar{X}_{TMG\ 803}$	5,9	9,6	40,4	40,0	37,1	
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	9,1	20,2	60,6	69,5	73,8	
$\bar{X}_{F2}$	8,8	13,4	45,5	54,3	67,8	
Genótipos/ População	Evolução da ferrugem na planta					
	Av. 1	Av. 2	Av. 3	Av. 4	Av. 5	
$\bar{X}_{TMG\ 801}$	2,5	3,3	3,5	4,4	4,9	
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	3,0	3,2	3,9	4,5	4,9	
$\bar{X}_{F2}$	2,6	3,3	3,8	4,3	4,8	
$\bar{X}_{TMG\ 803}$	2,3	3,2	3,6	4,6	4,9	
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	2,8	3,4	4,1	4,7	5,0	
$\bar{X}_{F2}$	2,8	3,5	4,3	4,7	4,9	
Genótipos/ População	DF	APF (cm)	DM	APM (cm)	NV	NS (g)
	<i>TMG 801 x BRS Valiosa RR (SEM controle da doença)</i>					
$\bar{X}_{TMG\ 801}$	52,1	38,2	122,1	45,7	86,6	197,7
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	52,1	42,5	118,8	52,3	42,6	79,5
$\bar{X}_{F2}$	52,0	39,1	121,8	48,3	63,9	127,3
<i>TMG 801 x BRS Valiosa RR (COM controle da doença)</i>						
$\bar{X}_{TMG\ 801}$	57,1	34,4	126,3	44,3	84,7	184,1
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	56,6	37,5	128,9	46,1	50,6	90,7
$\bar{X}_{F2}$	53,8	35,8	124,7	43,3	69,4	134,2
<i>TMG 803 x BRS Valiosa RR (SEM controle da doença)</i>						
$\bar{X}_{TMG\ 803}$	55,8	52,1	119,3	65,5	103,2	218,2
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	50,7	42,4	116,0	56,1	44,5	82,6
$\bar{X}_{F2}$	49,5	45,8	111,0	56,3	63,5	124,4
<i>TMG 803 x BRS Valiosa RR (COM controle da doença)</i>						
$\bar{X}_{TMG\ 803}$	60,5	46,4	123,0	58,2	92,3	179,6
$\bar{X}_{BRS\ Valiosa\ RR}$	57,2	39,7	125,3	47,2	48,4	87,3
$\bar{X}_{F2}$	53,8	41,5	119,8	52,0	74,5	141,7

As variâncias genótípicas do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR foram, em geral, maior do que a encontrada no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR nas avaliações 1, 2, 3 e 5 da PAIFMI. As estimativas de herdabilidade foram maiores que 50% nas avaliações 1, 2, 3 e 5 no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e nas avaliações 3, 4 e 5 no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR. Para a EFP, as variâncias (fenotípicas, ambientais e genótípicas) foram, em geral, semelhantes nos dois

cruzamentos e os maiores valores foram obtidos na avaliação 3. Com relação à herdabilidade, valores maiores que 50% foram observados nas avaliações 1, 3, 4 e 5 no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e nas avaliações 2, 3, 4 e 5 no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR (Tabela 5). Segundo Falconer (1987), os caracteres com estimativas de herdabilidade acima de 50% indicam que as contribuições das causas genéticas são mais pronunciadas do que as atribuídas a fatores do ambiente, na expressão fenotípica do caráter.

A maior estimativa de herdabilidade (amplo) da PAIFMI foi observada no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR na avaliação 1, enquanto a da TMG 803 x BRS Valiosa RR foi observada na avaliação 4. Caso houvesse necessidade de avaliar as populações no mesmo período, a melhor avaliação seria a 5 porque apresentou a segunda maior herdabilidade nas duas populações F<sub>2</sub> (67,4% e 71,1%). Assim, pode-se afirmar que na avaliação 5 (28 dias após o aparecimento das lesões causadas por *P. pachyrhizi*) 67,4% e 71,1% da variação total na população F<sub>2</sub>, respectivamente, para TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR, foi atribuída a causas genéticas. A avaliação 3 (14 dias após o aparecimento das lesões causadas por *P. pachyrhizi*) da EFP apresentou a segunda maior estimativa de herdabilidade nos dois cruzamentos (63,7% e 79,2%). Essas estimativas de herdabilidade evidenciam a viabilidade de emprego de técnicas seletivas simples, com possibilidade de obtenção de ganhos satisfatórios (Cruz et al. 2004). Além disso, indicam a possibilidade de seleção em gerações precoces.

As estimativas de herdabilidade (sentido restrito) obtidas em 10 populações de soja na geração F<sub>3</sub>, com base na avaliação da área infectada com FAZ, variaram de 23,12% a 55,83% (Ribeiro et al., 2009). Esses autores relataram que essas estimativas indicam sucesso na seleção precoce em programas de melhoramento. A população que apresentou maior estimativa foi a BR01-18437 x BRS 232 (55,83%), que é uma progênie promissora para resistência à FAS.

**Tabela 5.** Média ( $\bar{X}_{F2}$ ), variâncias fenotípicas ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), ambientais ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e genotípicas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) para porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (Avaliações 1, 2, 3, 4 e 5) e da evolução da ferrugem na planta (Avaliações 1, 2, 3, 4 e 5) obtidas nas populações F<sub>2</sub> dos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR, em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Parâmetros	Porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado				
	Av. 1	Av. 2	Av. 3	Av. 4	Av. 5
----- <i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$\bar{X}_{F2}$	8,902	14,407	44,626	46,935	63,911
$\hat{\sigma}_f^2$	6,154	21,817	177,220	130,340	217,836
$\hat{\sigma}_p^2$	1,580	8,635	82,258	108,302	71,004
$\hat{\sigma}_g^2$	4,574	13,182	94,961	22,038	146,833
$h_a^2$	74,326	60,421	53,584	16,908	67,405
----- <i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$\bar{X}_{F2}$	8,850	13,483	45,525	54,350	67,875
$\hat{\sigma}_f^2$	3,994	22,655	142,840	228,969	162,077
$\hat{\sigma}_p^2$	2,998	12,061	69,650	56,828	46,812
$\hat{\sigma}_g^2$	0,997	10,594	73,190	172,141	115,264
$h_a^2$	24,952	46,762	51,239	75,181	71,117
Parâmetros	Evolução da ferrugem na planta				
	Av. 1	Av. 2	Av. 3	Av. 4	Av. 5
----- <i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$\bar{X}_{F2}$	2,630	3,354	3,841	4,378	4,854
$\hat{\sigma}_f^2$	0,081	0,081	0,247	0,280	0,049
$\hat{\sigma}_p^2$	0,030	0,062	0,089	0,137	0,010
$\hat{\sigma}_g^2$	0,051	0,018	0,158	0,143	0,038
$h_a^2$	62,754	22,845	63,789	51,002	79,103
----- <i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$\bar{X}_{F2}$	2,829	3,585	4,394	4,712	4,900
$\hat{\sigma}_f^2$	0,103	0,156	0,324	0,217	0,049
$\hat{\sigma}_p^2$	0,070	0,058	0,067	0,105	0,006
$\hat{\sigma}_g^2$	0,033	0,098	0,257	0,113	0,042
$h_a^2$	32,193	62,712	79,228	51,874	86,764

As estimativas das variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas obtidas no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR foram, de maneira geral, menores em comparação com as obtidas no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR (Tabela 6). Nesses cruzamentos, as variâncias foram, de maneira geral, maiores nos experimentos sem controle do patógeno com fungicida, em relação com controle, com exceção do caráter PS do cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e dos caracteres NV, NS e PS do cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR.

As estimativas de herdabilidades foram, de maneira geral, maiores para os caracteres fenotípicos analisados no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR. Esses valores foram maiores que 50%. No cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR as

estimativas maiores que 50% foram obtidas nos caracteres DF, APF, DM, APM (com controle) (Tabela 6).

**Tabela 6.** Média ( $\bar{X}_{F2}$ ), variâncias fenotípicas ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), ambientais ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e genotípicas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) dos dias para o florescimento (DF), altura de planta no florescimento (APF), dias para a maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por planta (NS) e peso de sementes por planta (PS), obtidas nas populações F<sub>2</sub> dos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR, em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Parâmetros	DF	APF	DM	APM	NV	NS	OS
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (SEM controle) -----							
$\bar{X}_{F2}$ <sup>a</sup>	52,000	39,187	121,886	48,305	63,894	127,333	20,067
$\hat{\sigma}_f^2$	55,738	74,957	211,462	108,638	1665,177	7735,962	216,786
$\hat{\sigma}_p^2$	2,014	37,438	14,317	62,010	848,013	4620,715	134,789
$\hat{\sigma}_g^2$	53,724	37,518	197,145	46,627	817,164	3115,246	81,997
$h_a^2$	96,387	50,054	93,229	42,920	49,074	40,270	37,824
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (COM controle) -----							
$\bar{X}_{F2}$ <sup>a</sup>	53,812	35,897	124,735	43,359	69,462	134,205	27,249
$\hat{\sigma}_f^2$	27,654	53,041	96,576	82,525	1206,613	4912,630	206,166
$\hat{\sigma}_p^2$	3,270	23,867	28,859	39,183	733,063	3809,822	184,586
$\hat{\sigma}_g^2$	24,384	29,174	67,716	43,342	473,550	1102,808	21,580
$h_a^2$	88,176	55,002	70,117	52,520	39,246	22,448	10,467
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (SEM controle) -----							
$\bar{X}_{F2}$ <sup>a</sup>	49,533	45,833	111,017	56,392	63,525	124,450	17,808
$\hat{\sigma}_f^2$	65,629	95,955	243,832	133,249	1133,798	4890,922	137,401
$\hat{\sigma}_p^2$	2,633	24,419	11,979	43,797	444,234	2109,405	51,484
$\hat{\sigma}_g^2$	62,996	71,537	231,853	89,452	689,564	2781,517	85,917
$h_a^2$	95,988	74,552	95,087	67,131	60,819	56,871	62,530
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (COM controle) -----							
$\bar{X}_{F2}$ <sup>a</sup>	53,810	41,537	119,802	52,025	74,521	141,719	29,999
$\hat{\sigma}_f^2$	62,522	94,734	133,494	107,324	1721,235	6399,304	257,397
$\hat{\sigma}_p^2$	5,396	42,929	10,564	57,500	1010,820	4825,914	200,736
$\hat{\sigma}_g^2$	57,126	51,805	122,930	49,824	710,415	1573,390	56,661
$h_a^2$	91,369	54,684	92,087	46,424	41,274	24,587	22,013

<sup>a</sup>Média da altura de planta na floração e na maturação, em cm, e do peso de sementes por planta, em gramas.

A estimativa de herdabilidade de DF, APF, NV, NS e PS encontrados por Oliveira et al. (2000) foi de 0,99, 0,95, 0,11, 0,19 e 0,64, respectivamente. Costa et al. (2008b) obtiveram estimativa de herdabilidade para NV e NS de 0,66 e de 0,55 para PS.

Portanto, os resultados obtidos no presente trabalho foram inferiores ao de Oliveira et al. (2000) em relação a DF, APF e PS e superiores em relação a NV e NS.

Ao comparar os resultados do NV e NS com os obtidos por Costa et al. (2008b), verificou-se que a magnitude obtida no presente trabalho foi inferior. Segundo Oliveira et al. (2000), os baixos valores de herdabilidade de números de vagens e de sementes por planta, para as plantas F<sub>2</sub> cultivadas no campo, indicam alta influência de fatores ambientais sobre esses caracteres. Além disso, esses resultados indicam que a seleção para esses caracteres, nessa condição ambiental, pode ser ineficiente nas primeiras gerações, quando se baseia apenas no indivíduo.

As porcentagens da área infectada do folíolo mais infectado tiveram predições de ganhos, variaram de -5,1% a -24,7% e de -5,6% a -26,1%, respectivamente, para os cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR. Ao analisar cada cruzamento separadamente, verificou-se que, para TMG 801 x BRS Valiosa RR, os maiores ganhos de seleção foram obtidos nas avaliações 1, 2, 3 e 5, enquanto, para TMG 803 x BRS Valiosa RR melhores resultados podem ser obtidos nas avaliações 2, 3, 4 e 5. Quanto à evolução da ferrugem na planta, a predição de ganho predito variou de -2,0 a -9,2 no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e de -5,1 a -15,2 no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR (Tabela 7). Logo, pode-se afirmar que para a PAIFMI a avaliação 5 (28 dias após o aparecimento das lesões causadas por *P. pachyrhizi*) proporcionou, de maneira geral, maiores ganhos de seleção. Já para EFP, os melhores resultados foram obtidos na avaliação 3 (14 dias após o aparecimento das lesões causadas por *P. pachyrhizi*).

Os resultados referentes à herdabilidade no sentido amplo, média da população F<sub>2</sub>, média dos indivíduos selecionados na população F<sub>2</sub>, diferencial de seleção da população F<sub>2</sub>, ganho de seleção predito, ganho de seleção predito percentual e a média prevista para o primeiro ciclo de cultivo dos indivíduos selecionados, dos caracteres número de dias para o florescimento, altura de planta no florescimento, número de dias para a maturação, altura de planta na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e peso de sementes por planta, obtidos no cruzamento TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR estão apresentadas, respectivamente, nas Tabelas 8 e 9.

**Tabela 7.** Herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ), média da população  $F_2$  ( $\bar{X}_{F_2}$ ), média dos indivíduos selecionados em  $F_2$  ( $\bar{X}_{F_2}^S$ ), diferencial de seleção da população  $F_2$  ( $DS$ ), ganho de seleção predito ( $GS$ ), ganho de seleção predito percentual ( $GS\%$ ) e média prevista para o primeiro ciclo de cultivo dos indivíduos selecionados ( $\bar{X}_{c1}$ ) para porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado (Avaliações 1, 2, 3, 4 e 5) e evolução da ferrugem na planta (Avaliações 1, 2, 3, 4 e 5) obtidas nas populações  $F_2$  dos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR, em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Parâmetros	Porcentagem da área infectada do folíolo mais infectado				
	Av. 1	Av. 2	Av. 3	Av. 4	Av. 5
----- <i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$h_a^2$	74.326	60.421	53.584	16.908	67.405
$\bar{X}_{F_2}$	8.902	14.407	44.626	46.935	63.911
$\bar{X}_{F_2}^S$	6.333	8.500	26.333	32.750	41.333
$DS$	-2.569	-5.907	-18.293	-14.185	-22.577
$GS$	-1.910	-3.569	-9.802	-2.398	-15.218
$GS\%$	-21.449	-24.772	-21.965	-5.110	-23.812
$\bar{X}_{c1}$	6.993	10.838	34.824	44.537	48.692
----- <i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$h_a^2$	24.952	46.762	51.239	75.181	71.117
$\bar{X}_{F_2}$	8.850	13.483	45.525	54.350	67.875
$\bar{X}_{F_2}^S$	6.833	7.875	30.625	35.417	46.083
$DS$	-2.017	-5.608	-14.900	-18.933	-21.792
$GS$	-0.503	-2.623	-7.635	-14.234	-15.498
$GS\%$	-5.686	-19.450	-16.770	-26.190	-22.833
$\bar{X}_{c1}$	8.347	10.861	37.890	40.116	52.377
Parâmetros	Evolução da ferrugem na planta				
	Av. 1	Av. 2	Av. 3	Av. 4	Av. 5
----- <i>TMG 801 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$h_a^2$	62.754	22.845	63.789	51.002	79.103
$\bar{X}_{F_2}$	2.630	3.354	3.841	4.378	4.854
$\bar{X}_{F_2}^S$	2.304	3.046	3.404	3.583	4.500
$DS$	-0.326	-0.308	-0.437	-0.795	-0.354
$GS$	-0.205	-0.070	-0.279	-0.405	-0.280
$GS\%$	-7.776	-2.097	-7.262	-9.258	-5.776
$\bar{X}_{c1}$	2.426	3.283	3.563	3.973	4.574
----- <i>TMG 803 x BRS Valiosa RR</i> -----					
$h_a^2$	32.193	62.712	79.228	51.874	86.764
$\bar{X}_{F_2}$	2.829	3.585	4.394	4.712	4.900
$\bar{X}_{F_2}^S$	2.375	3.013	3.546	3.875	4.500
$DS$	-0.454	-0.573	-0.848	-0.837	-0.400
$GS$	-0.146	-0.359	-0.672	-0.434	-0.347
$GS\%$	-5.168	-10.015	-15.296	-9.212	-7.083
$\bar{X}_{c1}$	2.683	3.226	3.722	4.278	4.553

**Tabela 8.** Herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ), média da população F<sub>2</sub> ( $\bar{X}_{F_2}$ ), média dos indivíduos selecionados em F<sub>2</sub> ( $\bar{X}_{F_2}^S$ ), diferencial de seleção da população F<sub>2</sub> ( $DS$ ), ganho de seleção predito ( $GS$ ), ganho de seleção predito percentual ( $GS_{\%}$ ) e média prevista para o primeiro ciclo de cultivo dos indivíduos selecionados ( $\bar{X}_{c1}$ ), dos dias para o florescimento (DF), altura de planta no florescimento (APF), dos dias para a maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por planta (NS) e peso de sementes por planta (PS), obtidas nas populações F<sub>2</sub> dos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR, nos experimentos com e sem controle da ferrugem em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Parâmetros	DF	APF	DM	APM	NV	NS	OS
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (SEM controle) – Seleção para maiores valores -----							
$h_a^2$	96,387	50,054	93,229	42,920	49,074	40,270	37,824
$\bar{X}_{F_2}^a$	52,000	39,187	121,886	48,305	63,894	127,333	20,067
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	63,333	52,625	144,417	64,250	129,542	268,292	44,221
$DS^a$	11,333	13,438	22,530	15,945	65,647	140,958	24,154
$GS^a$	10,924	6,726	21,005	6,844	32,216	56,763	9,136
$GS_{\%}$	21,007	17,164	17,233	14,168	50,420	44,579	45,529
$\bar{X}_{c1}^a$	62,924	45,913	142,891	55,149	96,110	184,097	29,203
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (SEM controle) – Seleção para menores valores -----							
$h_a^2$	96,387	50,054	93,229	42,920	49,074	40,270	37,824
$\bar{X}_{F_2}^a$	52,000	39,187	121,886	48,305	63,894	127,333	20,067
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	42,625	28,292	103,125	34,917	19,750	34,667	4,871
$DS^a$	-9,375	-10,895	-18,761	-13,388	-44,144	-92,667	-15,195
$GS^a$	-9,036	-5,454	-17,491	-5,746	-21,663	-37,317	-5,748
$GS_{\%}$	-17,378	-13,917	-14,350	-11,896	-33,905	-29,306	-28,642
$\bar{X}_{c1}^a$	42,964	33,733	104,395	42,559	42,231	90,017	14,319
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (COM controle) – Seleção para maiores valores -----							
$h_a^2$	88,176	55,002	70,117	52,520	39,246	22,448	10,467
$\bar{X}_{F_2}^a$	53,812	35,897	124,735	43,359	69,462	134,205	27,249
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	62,000	45,739	141,087	56,000	121,913	238,783	48,785
$DS^a$	8,188	9,842	16,352	12,641	52,452	104,577	21,535
$GS^a$	7,220	5,413	11,466	6,639	20,585	23,476	2,254
$GS_{\%}$	13,417	15,080	9,192	15,312	29,635	17,493	8,272
$\bar{X}_{c1}^a$	61,032	41,311	136,201	49,998	90,047	157,681	29,504
----- TMG 801 x BRS Valiosa RR (COM controle) – Seleção para menores valores -----							
$h_a^2$	88,176	55,002	70,117	52,520	39,246	22,448	10,467
$\bar{X}_{F_2}^a$	53,812	35,897	124,735	43,359	69,462	134,205	27,249
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	47,087	25,783	114,783	30,435	24,609	42,826	8,854
$DS^a$	-6,725	-10,115	-9,952	-12,924	-44,853	-91,379	-18,395
$GS^a$	-5,930	-5,563	-6,978	-6,788	-17,603	-20,513	-1,925
$GS_{\%}$	-11,020	-15,498	-5,595	-15,655	-25,342	-15,285	-7,066
$\bar{X}_{c1}^a$	47,882	30,334	117,757	36,571	51,858	113,692	25,324

<sup>a</sup>Média da altura de planta na floração e na maturação, em cm, e do peso de sementes por planta, em gramas.

**Tabela 9.** Herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ), média da população F<sub>2</sub> ( $\bar{X}_{F_2}$ ), média dos indivíduos selecionados em F<sub>2</sub> ( $\bar{X}_{F_2}^S$ ), diferencial de seleção da população F<sub>2</sub> ( $DS$ ), ganho de seleção predito ( $GS$ ), ganho de seleção predito percentual ( $GS_{\%}$ ) e média prevista para o primeiro ciclo de cultivo dos indivíduos selecionados ( $\bar{X}_{c1}$ ) dos dias para o florescimento (DF), altura de planta no florescimento (APF), dos dias para a maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por planta (NS) e peso de sementes por planta (PS), obtidas nas populações F<sub>2</sub> dos cruzamentos TMG 803 x BRS Valiosa RR, nos experimentos com e sem controle da ferrugem em campo, Viçosa-MG, 2010/2011

Parâmetros	DF	APF	DM	APM	NV	NS	PS
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (SEM controle) – Seleção para maiores valores -----							
$h_a^2$	95,988	74,552	95,087	67,131	60,819	56,871	62,530
$\bar{X}_{F_2}^a$	49,533	45,833	111,017	56,392	63,525	124,450	17,808
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	63,417	61,958	137,542	73,917	116,875	234,583	36,831
$DS^a$	13,883	16,125	26,525	17,525	53,350	110,133	19,023
$GS^a$	13,326	12,022	25,222	11,765	32,447	62,634	11,895
$GS_{\%}$	26,904	26,229	22,719	20,863	51,077	50,329	66,794
$\bar{X}_{c1}^a$	62,860	57,855	136,239	68,156	95,972	187,084	29,703
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (SEM controle) – Seleção para menores valores -----							
$h_a^2$	95,988	74,552	95,087	67,131	60,819	56,871	62,530
$\bar{X}_{F_2}^a$	49,533	45,833	111,017	56,392	63,525	124,450	17,808
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	41,625	35,125	96,375	41,542	29,250	54,542	6,915
$DS^a$	-7,908	-10,708	-14,642	-14,850	-34,275	-69,908	-10,894
$GS^a$	-7,591	-7,983	-13,922	-9,969	-20,846	-39,758	-6,812
$GS_{\%}$	-15,325	-17,418	-12,541	-17,678	-32,815	-31,947	-38,251
$\bar{X}_{c1}^a$	41,942	37,850	97,094	46,423	42,679	84,692	10,996
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (COM controle) – Seleção para maiores valores -----							
$h_a^2$	91,369	54,684	92,087	46,424	41,274	24,587	22,013
$\bar{X}_{F_2}^a$	53,810	41,537	119,802	52,025	74,521	141,719	29,999
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	65,500	55,417	138,708	67,125	137,917	265,958	55,199
$DS^a$	11,690	13,879	18,907	15,100	63,396	124,239	25,200
$GS^a$	10,681	7,590	17,411	7,010	26,166	30,547	5,547
$GS_{\%}$	19,850	18,273	14,533	13,475	35,112	21,554	18,492
$\bar{X}_{c1}^a$	64,491	49,127	137,212	59,035	100,686	172,266	35,546
----- TMG 803 x BRS Valiosa RR (COM controle) – Seleção para menores valores -----							
$h_a^2$	91,369	54,684	92,087	46,424	41,274	24,587	22,013
$\bar{X}_{F_2}^a$	53,810	41,537	119,802	52,025	74,521	141,719	29,999
$\bar{X}_{F_2}^S^a$	43,750	29,458	108,000	38,375	28,208	53,167	11,060
$DS^a$	-10,060	-12,079	-11,802	-13,650	-46,312	-88,552	-18,939
$GS^a$	-9,192	-6,605	-10,868	-6,337	-19,115	-21,772	-4,169
$GS_{\%}$	-17,082	-15,902	-9,071	-12,180	-25,650	-15,363	-13,897
$\bar{X}_{c1}^a$	44,618	34,932	108,934	45,688	55,406	119,947	25,830

<sup>a</sup>Média da altura de planta na floração e na maturação, em cm, e do peso de sementes por planta, em gramas.

A precocidade é uma importante aliada no manejo da cultura da soja para o controle da FAS, por meio de utilização de cultivares com genes *Rpps* (Arias et al.,

2010). Logo, os objetivos dos programas de melhoramento têm sido identificar e selecionar genótipos precoces, produtivos e com resistência a doenças. Por isso, as atividades são: selecionar materiais para menores valores de DF e DM e maiores valores de NV, NS e PS. Os maiores ganhos para estes caracteres foram obtidos no experimento sem controle da ferrugem, nos dois cruzamentos.

Ao analisar os resultados das médias previstas para o primeiro ciclo de cultivo dos indivíduos selecionados, juntamente com os resultados de médias dos genitores apresentados na Tabela 4, verificou-se que a média prevista da geração F<sub>3</sub> do número de vagens será superior à do genitor resistente (TMG 801 ou TMG 803). As médias do número de sementes e do peso de sementes serão inferiores aos genitores resistentes. Devem-se considerar, nessas afirmativas, que as médias foram preditas e podem apresentar influência ambiental (condições climáticas e de desenvolvimento do patógeno) e da variabilidade do patógeno.

As plantas das cultivares TMG 803 e BRS Valiosa RR apresentaram, respectivamente, lesão RB e TAN (Figuras 1 e 2 e Tabela 10). Pode-se afirmar que a quantidade e a qualidade do inóculo de *P. pachyrhiz* presente na área e as condições ambientais foram favoráveis para o desenvolvimento do patógeno nas plantas. Logo, a resistência da TMG 803 foi eficaz em Viçosa-MG.



**Figura 1.** Lesões RB (cv.TMG 803).  
(Autoria: Éder Matsuo)



**Figura 2.** Lesões TAN (cv.BRS Valiosa RR).  
(Autoria: Éder Matsuo)

**Tabela 10.** Plantas dos genitores (TMG 803 e BRS Valiosa RR) com lesão RB (resistente) ou TAN (suscetível) e da reação conclusiva após condução e avaliação das plantas em campo, em Viçosa-MG, safra de 2010/2011

<b>Genitores</b>	<b>Lesão RB</b>	<b>Lesão TAN</b>	<b>Reação conclusiva</b>
TMG 803	38	0	RB
BRS Valiosa RR	0	38	TAN

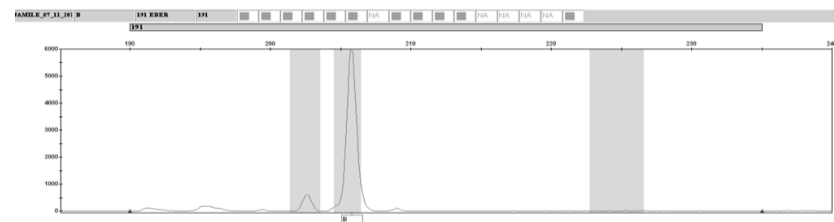
O número de plantas F<sub>2</sub> utilizadas no estudo de segregação e para efetuar mapeamento diferiu do número de sementes plantadas e do número de plantas utilizadas no estudo de estimação de parâmetros genéticos. Isto ocorreu devido à diferença na quantidade de sementes germinadas e também porque para algumas plantas não foi possível extrair DNA com qualidade e/ou não foi possível obter resultados desejáveis na reação de PCR e/ou no sequenciador.

Entre as 116 plantas F<sub>2</sub> avaliadas, 93 mostraram-se resistentes (lesão RB) à FAS e 23 mostraram-se suscetíveis (lesão TAN). A segregação foi testada para verificar a conformidade com a proporção mendeliana esperada de 3:1 (3 plantas resistentes e 1 planta suscetível) e de 13:3 (13 plantas resistentes e 3 plantas suscetíveis) (Tabela 11). O qui-quadrado para a proporção 3:1 foi de 1,65 com probabilidade igual a 19,8%. Para a proporção 13:3 foi de 0,08 com probabilidade de 76,6%. Isto é, as duas hipóteses de segregação não foram rejeitadas em nível de 5% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado.

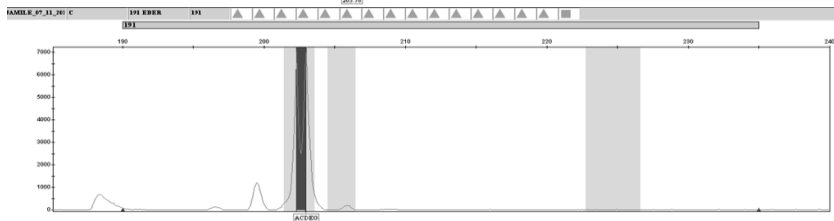
Estudos com diferentes populações de soja, desenvolvidas com diversas fontes de resistência, confirmaram a presença de um gene dominante para a resistência à ferrugem asiática. Foi observada herança monogênica com dominância completa na PI 200492 (*Rpp1*) (Hyten et al., 2007); nas PI 230970 (*Rpp2*) (Silva et al., 2008); na PI 459025 (*Rpp4*) (Batista, 2008; Silva et al., 2008 e Costa et al., 2008a); na PI 200487 (*Rpp\_*) (Batista, 2008). A proporção 13:3 foi observada em diversas populações segregantes F<sub>2</sub> de soja com resistência à FAS, considerando o padrão de segregação da reação RB e TAN (Pierozzi et al., 2008). Essa proporção é uma modificação das proporções 9:3:3:1 e evidencia herança digênica (dois genes não ligados). A cultivar resistente apresentaria os genótipos *A\_B\_*, *A\_bb*, *aabb* e, a suscetível, o genótipo *aaB\_*, isto é, 13 resistentes e 3 suscetíveis (Viana et al., 2003).

Dos 16 marcadores SSR testados, seis (Satt191, Sat\_372, Satt460, Satt708, sc21\_3420 e sc21\_4808) apresentaram polimorfismo entre as cultivares TMG 803 e BRS Valiosa RR (Figura 3).

**TMG 803**



**BRS Valiosa RR**



**Figura 3.** Polimorfismo entre os genitores (TMG 803 e BRS Valiosa RR) identificado após amplificação do DNA genômico com o marcador microssatélite Satt191 e análise no sequenciador ABI3100.

Ao analisar os *bulks* resistentes e suscetíveis, apenas três (Satt191, sc21\_3420 e sc21\_4808) os diferenciaram. Estes foram utilizados para amplificar DNA dos indivíduos da população F<sub>2</sub>. Dos três, dois (Satt191 e sc21\_3420) foram utilizados na análise de adequação da segregação, os quais se enquadraram satisfatoriamente à razão esperada para uma herança codominante (1:2:1) pelo teste de qui-quadrado (Tabela 11).

**Tabela 11.** Teste de qui-quadrado ( $X^2$ ) da segregação fenotípica da população F<sub>2</sub> (TMG 803 x BRS Valiosa RR) e dos marcadores microssatélites polimórficos<sup>1</sup>

Caráter	Classes			Hipótese	$X^2$	Probabilidade (%)		
	RB	TAN						
Avaliação fenotípica	93	23	3	1	1,65	19,8 <sup>ns</sup>		
Avaliação fenotípica	93	23	13	3	0,08	76,6 <sup>ns</sup>		
	R	H	S					
Satt191	33	59	24	1	2	1	1,43	48,8 <sup>ns</sup>
sc21_3420	30	63	23	1	2	1	1,70	42,5 <sup>ns</sup>

<sup>1</sup>RB: lesão RB – resistente; TAN: lesão TAN – suscetível; R: homocigoto resistente; H: heterocigoto; S: homocigoto suscetível; <sup>ns</sup>: não significativo a 5% de probabilidade, pelo teste do qui-quadrado.

As estimativas das distâncias entre cada marcador e o gene de resistência à FAS e valores de LOD *score* estão apresentadas na Tabela 12. A distância entre o marcador sc21\_3420 foi igual a 0,0 cM e o LOD *score* igual a 25,4 para a proporção 3:1 para tipo de lesão (RB e TAN) da população F<sub>2</sub>. Para 13:3, o valor do LOD foi de 22,1. As demais estimativas obtidas, da distância e LOD, também foram semelhantes entre as duas proporções (3:1 e 13:3).

O LOD é um teste de significância para se testar a hipótese de ligação de dois locos. Os locos estão ligados quando o LOD score for maior do que 3 (probabilidade de 1000 para 1), isto é, o LOD igual a 3 significa que a verossimilhança, considerando o valor de  $r$ , é 1.000 vezes maior que a verossimilhança em caso de ausência de ligação (Schuster e Cruz, 2008).

**Tabela 12.** Estimativas das distâncias entre cada marcador e o gene de resistência (Gene R) e valores de LOD scores obtidos a partir da análise de 116 plantas F<sub>2</sub>, considerando a proporção 3:1 (3 resistentes e 1 suscetível) e 13:3 (13 resistentes e 3 suscetíveis)

Marcador 1	Marcador 2	Distância (cM)		LOD
		Morgan	Kosambi	
----- Proporção F2 (3:1 – 3 Resistentes : 1 Suscetível) -----				
Gene R <sup>1</sup>	Satt191	26,6	29,6	3,3
Gene R <sup>1</sup>	sc21_3420	0,0	0,0	25,4
Satt191	sc21_3420	19,4	20,5	10,0
----- Proporção F2 (13:3 – 13 Resistentes : 3 Suscetível) -----				
Gene R <sup>2</sup>	Satt191	25,8	28,5	2,9
Gene R <sup>2</sup>	sc21_3420	0,0	0,0	22,1
Satt191	sc21_3420	19,4	20,5	10,0

<sup>1</sup>Avaliações fenotípicas (lesão RB ou TAN): um gene com segregação 3:1;

<sup>2</sup>Indica um dos dois genes independentes com segregação 13:3.

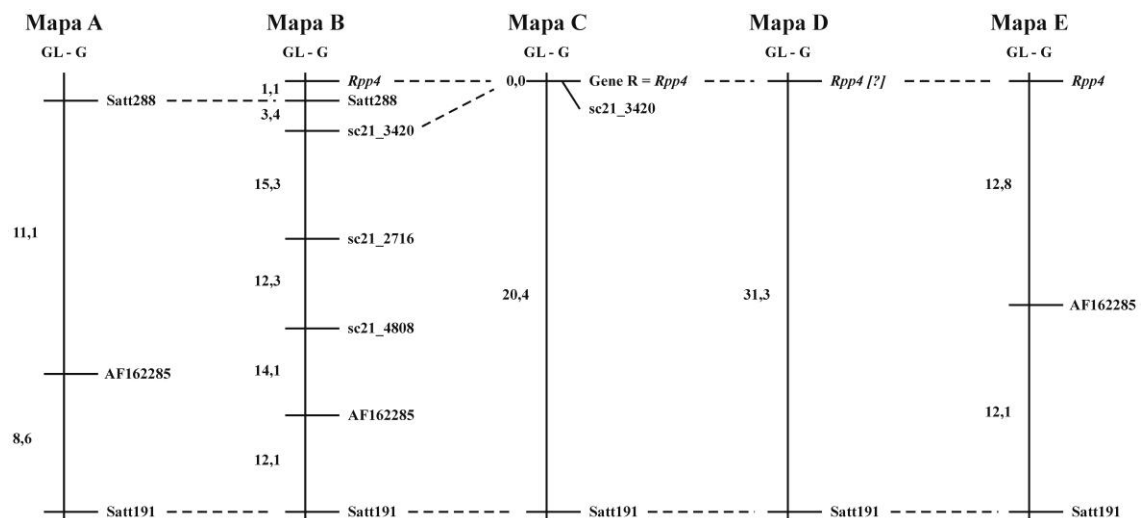
Ao analisar apenas os dados fenotípicos (lesão RB e TAN) obtidos, em 116 indivíduos, em avaliação de campo, os resultados obtidos pelo teste qui-quadrado demonstraram que tanto a proporção 3:1 quanto a 13:3 foram não significativas ( $p > 0,05$ ). A proporção 13:3 foi aceita com maior nível de probabilidade (76,6%), indicando que dois genes estariam controlando o tipo de lesão (RB e TAN) de soja.

Para a avaliação fenotípica das plantas F<sub>2</sub> e o padrão de amplificação do DNA com marcador microssatélite sc21\_3420, houve 100% de concordância. Isto é, todas as plantas resistentes fenotipicamente (lesão RB) apresentaram o padrão de amplificação semelhante à TMG 803 ou foram heterozigotas com o marcador sc21\_3420. Todas as plantas suscetíveis apresentaram padrão de amplificação semelhante ao da cultivar BRS Valiosa RR. Logo, pode-se afirmar que, a resistência da cultivar TMG 803, para lesão RB e TAN, é governada por um gene com dominância completa.

Ressalta-se que, caso seja avaliado maior número de plantas F<sub>2</sub> desse cruzamento, os valores obtidos pelo teste qui-quadrado e de probabilidades poderão ser alterados. Além disso, pode ser que haja coincidência entre a avaliação fenotípica e a

molecular inferior a 100%. Para que a proporção de 13:3 fosse aceita no presente trabalho, pelo menos uma planta ( $1/13$ ) resistente fenotipicamente (lesão RB) deveria ter apresentado o padrão de amplificação da BRS Valiosa RR para o marcador sc21\_3420.

Considerando a segregação 3:1, o gene de resistência da cultivar TMG 803 foi mapeado a 0,0 cM do marcador sc21\_3420 e esses marcadores foram mapeados a 20,4 cM do marcador Satt191 (Figura 5). Os resultados obtidos no presente trabalho indicam que o gene de resistência presente na cultivar TMG 803 está localizado no *loco* de resistência *Rpp4*, no grupo de ligação G.



**Figura 5.** Mapa de ligação do *loco Rpp4* do grupo de ligação G, para posicionamento do gene de resistência da cultivar TMG 803 à ferrugem asiática da soja. Mapa A: Mapa de ligação consenso da soja para a região entre o Satt191 e Satt288 no grupo de ligação G com a distância (em cM) adaptada de Song et al. (2004); Mapa B: Mapa de ligação apresentado por Meyer et al. (2009); Mapa C: Mapa de ligação obtido no presente estudo a partir da análise de 116 plantas F<sub>2</sub> proveniente do cruzamento entre TMG 803 x BRS Valiosa RR; Mapa D: Mapa de ligação apresentado por Garcia et al. (2008); Mapa E: Mapa de ligação apresentado por Silva et al. (2008). Distância entre as marcas (em cM) identificadas no lado esquerdo de cada mapa.

O marcador Satt612, localizado a 3,61 cM do Satt288 (Song et al., 2004), não apresentou polimorfismo entre as cultivares TMG 803 e BRS Valiosa RR. Utilizando este marcador (Satt612), Silva et al. (2008) também não identificou polimorfismo entre BRS 184 e PI 459025 (portador do alelo dominante de resistência – *Rpp4*). O marcador microsatélite Satt288 foi mapeado no *loco Rpp4* por Garcia et al. (2008), Silva et al. (2008) e Meyer et al. (2009). No presente trabalho, esse marcador não foi utilizado para identificar polimorfismo entre as cultivares TMG 803 e BRS Valiosa RR porque não foi possível amplificar o DNA genômico.

A eficiência da seleção de plantas resistentes com os marcadores microssatélites Satt191 e sc21\_3420 foi de 80,2% e 100,0%, respectivamente.

A segregação fenotípica de uma população F<sub>2</sub> com dois genes independentes e com dominância completa cada um é 9:3:3:1. Logo, tem-se:

		Marcadores microssatélites	
		+ ( <i>B</i> _)	- ( <i>bb</i> )
Resistente fenotipicamente (RB)	( <i>A</i> _)	9	3
Suscetível fenotipicamente (TAN)	( <i>aa</i> )	3	1

*MFMF* (Plantas selecionadas corretamente, como resistentes, com base na análise dos marcadores e na avaliação fenotípica) = 9

*mfmf* (Plantas selecionadas corretamente, como suscetíveis, com base nos marcadores e na avaliação fenotípica) = 1

*TP* (Total de plantas analisadas) = 16

$$ES_{\%} = \left( \frac{9+1}{16} \right) \times 100 = 62,5\%$$

Então, a eficiência de seleção (*ES*<sub>%</sub>) igual a 62,5% é resultado da análise da população segregante F<sub>2</sub> com dominância completa de dois genes independentes.

No cálculo da *ES*<sub>%</sub>, considerou-se, na análise dos marcadores microssatélites, o genótipo homozigoto dominante e o heterozigoto como resistentes à FAS. Isto é, *B*\_ (resistente) e *bb* (suscetível). Portanto, o valor de 62,5% seria o resultado da utilização de marcadores microssatélites não ligados ao gene de resistência. Logo, os limites da *ES*<sub>%</sub> seriam de 62,5% para genes não ligados e de 100,0% para genes completamente ligados.

A utilização do marcador microssatélites sc21\_3420 possibilitou identificar corretamente os genótipos homozigotos dominantes e os heterozigotos, sendo, portanto, indicados para a seleção assistida por marcadores moleculares para o desenvolvimento de genótipos resistentes à FAS.

Em estudos semelhantes de seleção, Brogin (2005) reportou que a seleção de plantas homozigóticas utilizando os marcadores Satt079 e Satt307, que flanqueiam o gene de resistência da cultivar FT-2, resultou na total eficiência de seleção (100,0%). Posteriormente, Morceli et al. (2008) reportaram que a utilização da combinação dos marcadores Sat\_275 + Sat\_280, que flanqueiam o gene *Rpp5* de resistência da PI

200526, resultou na maior e total eficiência de seleção (100%). Portanto, a utilização desses marcadores para a seleção assistida é válida, pois identifica os genótipos homozigóticos e o gene de resistência pode ser fixado em poucos ciclos de seleção (Brogin, 2005; Morceli et al., 2008).

#### 4. CONCLUSÕES

A magnitude da herdabilidade indicou possibilidade de ganho por seleção e sucesso na identificação de indivíduos com menores porcentagens da área infectada do folíolo mais infectado e da evolução da ferrugem na planta nas gerações precoces dos programas de melhoramento.

As estimativas de herdabilidade do dia do plantio ao florescimento, altura de planta no florescimento, do dia do plantio à maturação, altura de planta na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e peso de sementes foram maiores no cruzamento TMG 803 x BRS Valiosa RR.

Os maiores ganhos por seleção preditos foram obtidos nos experimentos sem aplicação de fungicida, nos cruzamentos TMG 801 x BRS Valiosa RR e TMG 803 x BRS Valiosa RR.

A análise em conjunto da segregação e do mapeamento indicou que a resistência da cultivar TMG 803 à ferrugem asiática da soja é governada por um gene com dominância completa.

O gene de resistência presente na cultivar TMG 803 foi mapeado no *loco* de resistência *Rpp4*, no grupo de ligação G. E o marcador microssatélite sc21\_3420 pode ser indicado para seleção assistida de genótipos de soja, visando a introgressão da resistência da TMG 803.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alzate-Marin, A.L.; Cervigni, G.D.L.; Moreira, M.A.; Barros, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.4, p.333-342, 2005.

Arias, C.A.A.; Rachid, B.F.; Moreira, J.U.V.; Soares, R.M.; Oliveira, M.F.; Kaster, M.; Carneiro, G.E.S.; Carrão-Panizzi, M.C.; Pereira, M.J.Z.; Melo Filho, O.L.; Farias Neto, A.L.; Abdelnoor, R.V.; Brogin, R.; Fronza, V.; Bertagnolli, P. Desenvolvimento de

cultivares de soja resistentes à Ferrugem-asiática. In: **Ata da XXXI Reunião de pesquisa de soja da região central do Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2010, p.71-79.

Barros, A.L.M.; Menegatti, A.L. Tendências de médio prazo para o mercado da soja no Brasil e no mundo. In: Hiromoto, D.M.; Caju, J.; Camacha, S.A. (eds.). **Fundação MT – Boletim de Pesquisa de Soja 2010**. Rondonópolis: Fundação MT, 2010, p.218-274.

Batista, C.E.A. **Mapeamento de genes associados à resistência a soja à ferrugem-asiática (*Phakopsora pachyrhizi*)**. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, 2008, 56p.

Brogini, R.L. **Mapeamento de genes de resistência à ferrugem e de QTLs envolvidos na resistência à septoriose em soja**. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, 2005, 93p.

Bromfield, K.R.; Hartwig, E.E. Resistance to soybean rust and mode of inheritance. **Crop Science**, v.20, p.254-255, 1980.

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

Chakraborty, N.; Curley, J.; Frederick, R.D.; Hyten, D.L.; Nelson, R.L.; Hartman, G.L.; Diers, B.W. Mapping and confirmation of a new allele at *Rpp1* from soybean PI 594538A conferring RB lesion-type resistance to soybean rust. **Crop Science**, v.49, p.783-790, 2009.

CONAB [Companhia Nacional do Abastecimento]. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos**. Quarto levantamento. Conab: Brasília-DF, janeiro, 2012. Disponível em: < [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_01\\_10\\_10\\_53\\_02\\_boletim\\_graos\\_4o\\_levantamento.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_10_10_53_02_boletim_graos_4o_levantamento.pdf)> Acesso em: 20 de janeiro de 2012.

Costa, M.M.; DiMauro, A.O.; Unêda-Trevisoli, S.H.; Arriel, N.H.C.; Bárbaro, I.M.; Silveira, G.D.; Muniz, F.R.S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, v.67, n.1, p.101-108, 2008b

Costa, M.M.; Unêda-Trevisoli, S.H.; Pinheiro, J.B.; Kiihl, R.A.S.; Calvo, E.S.; DiMauro, A.O. Marcadores RAPD para detecção de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.12, p.1733-1739, 2008a.

Cruz, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed., v.2, Viçosa: Editora UFV, 585p., 2006.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed., v.1, Viçosa: Editora UFV, 480p., 2004.

Dhingra, O.D.; Mendonça, H.L.; Macedo, D.M. Doenças e seu controle. In: Sedyama, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Editora Mecenaz, 2009, p.133-155.

Doyle, J.J.; Doyle J.L. A rapid DNA isolation method for small quantities of fresh tissues. **Phytochemical Bulletin**, v.19, p.11-15, 1987.

EMBRAPA [Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária]. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil – 2008**. Londrina: Embrapa Soja; Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 280p., 2008.

EMBRAPA [Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária]. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil – 2012-2013**. Londrina: Embrapa Soja, 262p., 2011.

Falconer, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, Editora UFV, 287p., 1987.

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

Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. **Introducción al uso de marcadores moleculares en el análisis genético**. 1.ed. Brasília: Embrapa Cenargem, 220p., 1998.

Garcia, A.; Calvo, E.S.; Kiihl, R.A.S.; Harada, A.; Hiromoto, D.M.; Vieira, L.G.E. Molecular mapping of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) resistance genes: discovery of a novel locus and alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.545-553, 2008.

Godoy, C.V.; Koga, L.J.; Canteri, M.G. Diagrammatic scale for assessment of soybean rust severity. **Fitopatologia Brasileira**, v.31, p.63-68. 2006.

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

Henning, A.A.; Godoy, C.V. Situação da ferrugem da soja no Brasil e no Mundo. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.1-14.

Hytten, D.L.; Hartman, G.L.; Nelson, R.L.; Frederick, R.D.; Concibido, V.C.; Narvel, J.M.; Cregan, P.B. Map location of the *Rpp1* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, v.47, p.837-838, 2007.

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

Meyer, J.D.F.; Silva, D.C.G.; Yang, C.; Pedley, K.F.; Zhang, C.; Mortel, M.V.; Hill, J.H.; Shoemaker, R.C.; Abdelnoor, R.V.; Whitham, S.A.; Graham, M.A. Identification and analyses of candidate genes for *Rpp4*-mediated resistance to Asian Soybean Rust in soybean. **Plant Physiology**, v.150, p. 295-307, 2009.

Michelmore, R.W.; Paran, I.; Kesseli, R.V. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.88, n.21, p.9828-9832, 1991.

Morceli, T.G.S.; Trevisoli, S.H.U; Morceli Junior, A.A.; Kiihl, R.A.S.; Calvo, E.S.; Di Mauro, A.O.; Garcia, A. Identificação e validação de marcadores microssatélites ligados ao gene Rpp5 de resistência à ferrugem-asiática-da-soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.11, p.1525-1531, 2008.

Oliveira, A.C.B.; Viana, J.M.S.; Cruz, C.D.; Sedyama, C.S. Herdabilidade e correlações em plantas F<sub>2</sub> de soja cultivadas em diferentes condições ambientais. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.22, n.4, p.889-892, 2000.

Pierozzi, P.H.B.; Ribeiro, A.S.; Moreira, J.U.V.; Laperuta, L.D.C.; Rachid, B.F.; Lima, W.F.; Arias, C.A.A.; Oliveira, M.F.; Tolero, J.F.F. New soybean (*Glycine max* Fabales, Fabaceae) sources of qualitative genetic resistance to Asian soybean rust caused by *Phakopsora pachyrhizi* (Uredinales, Phakopsoraceae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, n.2, p.505-511, 2008.

Ray, J.D.; Morel, W.; Smith, J.R.; Frederick, R.D.; Miles, M.R. Genetics and mapping of adult plant rust resistance in soybean PI 587886 and PI 587880A. **Theoretical and Applied Genetics**, v.119, p.271-280, 2009.

Ribeiro, A.S.; Toledo, J.F.F.; Ramalho, M.A.P. Selection strategies of segregant soybean populations for resistance do Asian rust. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.11, p.1452-1459, 2009.

Schuster, I.; Cruz, C.D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 568p., 2008.

Sedyama, T.; Teixeira, R.C.; Barros, H.B. Cultivares. In: Sedyama, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009a, p.77-91.

Sedyama, T.; Teixeira, R.C.; Barros, H.B. Origem, evolução e importância econômica. In: Sedyama, T. (ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Editora Mecenas, 2009b, p.1-5.

Sedyama, T.; Teixeira, R.C.; Reis, M.S. Melhoramento da Soja. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 2005, p.553-603.

Silva, D.C.G.; Yamanaka, N.; Brogin, R.L.; Arias, C.A.A.; Nepomuceno, A.L.; Di Mauro, A.O.; Pereira, S.S.; Nogueira, L.M.; Passianoto, A.L.L.; Abdelnoor, R.V. Molecular mapping of two *loci* that confer resistance to Asian rust in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.117, p.57-63, 2008.

Silva, M.F.; Schuster, I.; Silva, J.F.V.; Ferreira, A.; Barros, E.G.; Moreira, M.A. Validation of microsatellite markers for assisted selection of soybean resistance to cyst nematode races 3 and 14. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1143-1150, 2007.

Siqueri, F.; Caju, J.; Moreira, M. **Boletim de pesquisa de soja 2011 – Fundação MT**. Rondonópolis:: Fundação MT, 492p., 2011.

Song, Q.J.; Marek, L.F.; Shoemaker, R.C.; Lark, K.G.; Concibido, V.C.; Delannay, X.; Specht, J.E.; Cregan, P.B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v.109, p.122-128, 2004.

Souza, P.I.M.; Toledo, J.F.F.; Moreira, C.T.; Farias Neto, A.L.; Abud, S.; Arantes, N.E.; Mello Filho, O.L.; Carneiro, G.E. De S.; Monteiro, P.M.F.O.; Arias, C.A.A.; Kaster, M.; Oliveira, M.F.; Pípolo, A.E.; Brogin, R.L.; Nunes Júnior, J. Abdelnoor, R.V.; Almeida, A.M.R.; Meyer, M.C.; Andrade, P.J.M.; Carrão-Panizi, M.C.; Dias, W.P.; Moreira, J.U.V.; Neiva, L.C.S.; Nunes, M.R.; Seii, A.H.; Silva, L.O.; Silva, N.S.; Teixeira, R.N.; Soares, R.M.; Toledo, R.M.C.P.; Vieira, N.E. BRSGO 7560: Primeira cultivar de soja resistente à ferrugem-asiática indicada pela Embrapa e parceiros. In: V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009, 2009, Goiânia - GO. **Anais do V Congresso Brasileiro de Soja - Mercosoja 2009**, 2009.

SoyBase. **The Soybean Breeder's Toolbox – 2008**. USDA, Washington. Iowa State University, Ames. 2008. Disponível em: <http://www.soybase.org/>. Acessado em 10 de janeiro de 2012.

TMG [Tropical Melhoramento e Genética]. **Cultivares de soja**. Disponível em: <http://www.tmg.agr.br/cultivares/?c=soja> Acesso em: 10 de janeiro de 2012.

UFU-PMGS [Universidade Federal de Uberlândia – Programa Melhoramento de Soja]. **Cultivares**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>>. Acesso em: 18 de janeiro de 2012.

Yorinori, J.T.; Paiva, W.M.; Frederick, R.D.; Costamilan, L.M.; Bertagnoli, P.F.; Hartman, G.L.; Godoy, C.V.; Nunes, J.J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brazil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease**, v.89, p.675-677, 2005.

Zambolim, L. Manejo integrado da ferrugem-asiática da soja. In: Zambolim, L. (Ed.) **Ferrugem-asiática da soja**. Viçosa-MG: Suprema Gráfica e Editora Ltda. 2006, p.73-98.

## **ANEXOS**

**Produto químico utilizado no tratamento de sementes (obtido em: AGROFIT – MAPA<sup>2</sup>):**

1.	Marca comercial:	Derosal Plus
	Titular do registro:	Bayer S.A.
	Composição:	Carbendazim (150 gramas por litro – 15%) Tiram (350 gramas por litro – 35%)
	Categorias agronômicas:	Fungicida
	Modo de ação:	de contato e sistêmico
	Classificação toxicológica:	III – Medianamente tóxico
	Indicação de uso/dose:	200 ml do produto comercial por 100 kg de sementes

**Produto químico utilizado no controle da ferrugem asiática da soja (obtido em: AGROFIT – MAPA<sup>1</sup>):**

1.	Marca comercial:	Sphere max
	Titular do registro:	Bayer S.A.
	Composição:	Trifloxistrobina (estrobilurina) (375 gramas por litro – 37,5%) Ciproconazol (triazol) (160 gramas por litro – 16%)
	Categorias agronômicas:	Fungicida
	Modo de ação:	mesostêmico e sistêmico
	Classificação toxicológica:	III – Medianamente tóxico
	Indicação de uso/dose:	150 a 200 ml do produto comercial por hectare 200 litros de calda por hectare (aplicação terrestre) 30 dias de intervalo de segurança
2.	Marca comercial:	Nativo
	Titular do registro:	Bayer S.A.
	Composição:	Trifloxistrobina (estrobilurina) (100 gramas por litro – 10%) Tebuconazol (triazol) (200 gramas por litro – 20%)
	Categorias agronômicas:	Fungicida
	Modo de ação:	mesostêmico e sistêmico
	Classificação toxicológica:	III – Medianamente tóxico
	Indicação de uso/dose:	500 ml do produto comercial por hectare 200 litros de calda por hectare (aplicação terrestre) 30 dias de intervalo de segurança

---

<sup>2</sup><[http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit\\_cons/principal\\_agrofit\\_cons](http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons)> Data de acesso: 09/12/2011.

**Anexo 1.** Resumo da análise de variância da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI) e da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), do número de sementes por planta (NS), do peso de sementes por planta (PTS) e do peso de 100 sementes (P100) em sete cultivares, considerando, separadamente, os manejos da doença (sem e com controle da ferrugem asiática da soja), em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2009/2010<sup>1</sup>

----- <i>Sem controle da ferrugem asiática da soja</i> -----						
F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		AACPFFMI	AACEFP	NS	PS	P100
<b>Cultivares</b>	6	687922,0922**	1313910,9693**	16817,0000**	257,8347**	8,5612**
<b>Resíduo</b>	14	26197,4238	22098,1820	343,4762	5,2130	0,6240
<b>Média</b>		3593,75	5835,65	106,67	10,93	9,82
<b>CV (%)</b>		4,50	2,55	17,37	20,88	8,04
----- <i>Com controle da ferrugem asiática da soja</i> -----						
F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		AACPFFMI	AACEFP	NS	PS	P100
<b>Cultivares</b>	6	5765,6639**	96231,2099**	52555,3016**	1735,2050**	9,9807**
<b>Resíduo</b>	14	401,2015	17672,4638	1504,0000	23,7359	1,8363
<b>Média</b>		126,37	941,09	237,90	44,87	19,22
<b>CV (%)</b>		15,85	14,13	16,30	10,86	7,05

<sup>1</sup>\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

**Anexo 2.** Relação entre o maior quadrado médio do resíduo (> QMR) e o menor quadrado médio do resíduo (< QMR) de cinco variáveis analisadas em sete cultivares sob dois manejos da doença, em condições de campo, Viçosa-MG, 2009/2010

Variáveis	> QMR
	< QMR
Área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado	69,58367
Área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta	1,56635
Número de sementes por planta	4,92696
Peso de sementes por planta	5,26637
Peso de 100 sementes	2,85132

**Anexo 3.** Resumo da análise de variância da porcentagem do folíolo mais infectado (PFMI) e da evolução da ferrugem na planta (EFP) em sete cultivares em 10 avaliações da doença em plantas sem controle da doença com fungicida, em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011<sup>1,2</sup>

----- Porcentagem do folíolo mais infectado – PFMI -----

F.V.	G.L.	Quadrados médios				
		1ª Av.	2ª Av.	3ª Av.	4ª Av.	5ª Av.
Blocos	3	1,3167	8,4199	75,6126	17,9943	113,9044
Cultivares	6	2,1822 <sup>ns</sup>	88,9802**	156,0371 <sup>ns</sup>	447,9074**	699,4134**
Resíduo	18	1,4762	18,7404	101,4238	57,6657	135,5362
Média		3,47	12,81	23,30	30,57	44,94
CV (%)		35,06	33,81	43,23	24,84	25,90

F.V.	G.L.	Quadrados médios				
		6ª Av.	7ª Av.	8ª Av.	9ª Av.	10ª Av.
Blocos	3	38,1277	16,9296	0,6615	11,4563	4,1383
Cultivares	6	521,6838**	251,5501**	312,2644**	184,5675**	169,9309**
Resíduo	18	61,1011	21,2039	4,1081	10,5376	8,5918
Média		54,58	65,83	70,58	73,17	73,92
CV (%)		14,32	7,00	2,87	4,44	3,97

----- Evolução da ferrugem na planta – EFP -----

F.V.	G.L.	Quadrados médios				
		1ª Av.	2ª Av.	3ª Av.	4ª Av.	5ª Av.
Blocos	3	0,0413	0,0726	0,4672	0,0042	0,0107
Cultivares	6	0,0963 <sup>ns</sup>	0,8513**	0,5317**	1,2781**	1,8630**
Resíduo	18	0,0514	0,0953	0,0732	0,0995	0,1428
Média		1,96	2,72	2,33	2,59	2,93
CV (%)		11,54	11,34	11,60	12,18	12,89

F.V.	G.L.	Quadrados médios				
		6ª Av.	7ª Av.	8ª Av.	9ª Av.	10ª Av.
Blocos	3	0,0329	0,0519	0,0004	0,0006	0,0006
Cultivares	6	0,5259**	0,2528**	0,0004 <sup>ns</sup>	0,0000 <sup>ns</sup>	0,0000 <sup>ns</sup>
Resíduo	18	0,0688	0,0321	0,0009	0,0000	0,0000
Média		4,11	4,68	4,99	5,00	5,00
CV (%)		6,38	3,83	0,59	0,05	0,05

<sup>1</sup>\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F;

<sup>2</sup><sup>ns</sup> Não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

**Anexo 4.** Relação entre o maior quadrado médio do resíduo (> QMR) e o menor quadrado médio do resíduo (< QMR) de duas variáveis analisadas em sete cultivares no manejo sem fungicida, em condições de campo, Viçosa-MG, safra de 2009/2010

Variáveis	> QMR
	< QMR
Porcentagem do folíolo mais infectado	91,81255
Evolução da ferrugem na planta	25700,00000

**Anexo 5.** Resumo da análise de variância conjunta da porcentagem do folíolo mais infectado (PFMI) e da evolução da ferrugem na planta (EFP) em sete cultivares em 10 avaliações da doença em plantas sem controle da doença com fungicida, em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011<sup>1</sup>

F.V.	PFMI		EFP	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Blocos	3	41,4896	3	0,0701
Cultivares	6	2116,8702**	6	2,3846**
Avaliações	9	19444,9112**	9	42,8177**
Cultivares x Avaliações	28	153,7814**	34	0,5320**
Resíduo	87	95,4959	108	0,1110
Média		45,32		3,63
CV (%)		21,56		9,17

<sup>1</sup>\*\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

**Anexo 6.** Resumo da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), dias para floração (DF), altura de planta na floração (APF), dias para maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens (NV), número de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset < 5,00$  mm)], número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset > 5,00$  mm)], número de sementes (NS), número de sementes por vagem (NSV), peso da planta (PP), peso das hastes (PH), peso das vagens (PV), peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\emptyset < 5,00$  mm)], peso de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\emptyset > 5,00$  mm)], peso das sementes (PS), peso de 100 sementes (P100) e índice de colheita (IC), em sete cultivares sem controle da ferrugem asiática da soja, em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

F.V.	G.L.	Quadrados médios <sup>1</sup>			
		AACPFMI	AACEFP	DF	APF
Blocos	3	19759,8201	28,5785	27,0895	26,7956
Cultivares	6	948525,5694**	1147,0101**	163,0462**	703,0764**
Resíduo	18	43206,1172	43,2214	12,7440	94,2764
Média		2901,34	229,82	61,43	51,98
CV(%)		7,16	2,86	5,81	18,68
F.V.	G.L.	DM	APF	NV	NS ( $\emptyset < 5,00$ mm)
Blocos	3	13,2838	157,1927	1356,0548	418,5767
Cultivares	6	384,2924**	781,2615**	5938,3581**	915,3300*
Resíduo	18	21,1705	130,0911	639,2248	249,2411
Média		129,91	78,21	90,51	43,95
CV(%)		3,54	14,58	27,93	35,92
F.V.	G.L.	NS ( $\emptyset > 5,00$ mm)	NS	NSV	PP
Blocos	3	2580,9733	4209,6814	0,0127	610,2598
Cultivares	6	23079,1981**	27437,1214**	0,2215*	2147,0717**
Resíduo	18	2170,1644	3241,0770	0,0611	334,2435
Média		123,56	167,51	1,79	55,80
CV(%)		37,70	33,99	13,81	32,77
F.V.	G.L.	PH	PV	PS ( $\emptyset < 5,00$ mm)	PS ( $\emptyset > 5,00$ mm)
Blocos	3	213,3476	11,3821	0,5461	34,0157
Cultivares	6	665,0517**	68,3465**	1,1836**	368,4551**
Resíduo	18	154,9577	7,3943	0,2763	24,4115
Média		30,01	7,63	1,55	14,53
CV(%)		41,48	35,63	34,00	33,99
F.V.	G.L.	PS	P100	IC	
Blocos	3	37,0074	0,4187	10,2455	
Cultivares	6	366,5421**	6,2446**	459,9595**	
Resíduo	18	25,8725	0,7849	15,3897	
Média		16,08	11,29	23,83	
CV(%)		31,63	7,85	16,46	

<sup>1</sup>\*\*\* Significativo a 1% e 5%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F;

**Anexo 7.** Resumo da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), dias para floração (DF), altura de planta na floração (APF), dias para maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens (NV), número de sementes menores que 5,0mm de diâmetro [NS ( $\varnothing < 5,00$  mm)], número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\varnothing > 5,00$  mm)], número de sementes (NS), número de sementes por vagem (NSV), peso da planta (PP), peso das hastes (PH), peso das vagens (PV), peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\varnothing < 5,00$  mm)], peso de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\varnothing > 5,00$  mm)], peso das sementes (PS), peso de 100 sementes (P100) e índice de colheita (IC), em sete cultivares com controle da ferrugem asiática da soja, em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

F.V.	G.L.	Quadrados médios <sup>1,2</sup>			
		AACPFMI	AACEFP	DF	APF
<b>Blocos</b>	3	21928,1520	227,3380	44,0014	261,1452
<b>Cultivares</b>	6	12671,3625*	281,3810**	111,8948*	865,9392**
<b>Resíduo</b>	18	4260,8542	46,6410	34,0814	179,6411
<b>Média</b>		505,78	129,17	75,19	82,05
<b>CV(%)</b>		12,91	5,29	7,76	16,34
F.V.	G.L.	DM	APM	NV	NS ( $\varnothing < 5,00$ mm)
<b>Blocos</b>	3	52,9638	270,4708	3758,9910	11,1190
<b>Cultivares</b>	6	267,3829 <sup>ns</sup>	603,6120 <sup>ns</sup>	7953,2714*	592,2858 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	18	102,3638	236,5103	2189,8332	269,1427
<b>Média</b>		162,57	112,40	212,81	53,20
<b>CV(%)</b>		6,22	13,68	21,99	30,84
F.V.	G.L.	NS ( $\varnothing > 5,00$ mm)	NS	NSV	PP
<b>Blocos</b>	3	12928,6242	13535,8013	0,0204	4205,1407
<b>Cultivares</b>	6	14413,1781 <sup>ns</sup>	11675,8056 <sup>ns</sup>	0,1762 <sup>ns</sup>	6627,2299**
<b>Resíduo</b>	18	7787,6811	8838,9180	0,0673	1488,7805
<b>Média</b>		372,58	425,77	2,05	169,65
<b>CV(%)</b>		23,69	22,08	12,63	22,74
F.V.	G.L.	PH	PV	PS ( $\varnothing < 5,00$ mm)	PS ( $\varnothing > 5,00$ mm)
<b>Blocos</b>	3	911,6085	43,8231	0,0320	818,2910
<b>Cultivares</b>	6	2929,0076**	78,1372 <sup>ns</sup>	0,2396 <sup>ns</sup>	752,2167 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	18	373,5658	41,7022	0,1602	293,0284
<b>Média</b>		66,55	25,89	0,88	75,01
<b>CV(%)</b>		29,04	24,94	45,58	22,82
F.V.	G.L.	PS	P100	IC	
<b>Blocos</b>	3	826,9547	3,3379	6,6358	
<b>Cultivares</b>	6	741,8922 <sup>ns</sup>	12,4110**	144,4485**	
<b>Resíduo</b>	18	295,5316	2,2704	19,8234	
<b>Média</b>		75,89	20,15	45,10	
<b>CV(%)</b>		22,65	7,48	9,87	

<sup>1</sup>\*\*\* Significativo a 1% e 5%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F;

<sup>2</sup><sup>ns</sup> Não Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

**Anexo 8.** Resumo da análise de variância conjunta da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI), área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta (ACEFP), dias para floração (DF), altura de planta na floração (APF), dias para maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de vagens (NV), número de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\varnothing < 5,00$  mm)], número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\varnothing > 5,00$  mm)], número de sementes (NS), número de sementes por vagem (NSV), peso da planta (PP), peso das hastas (PH), peso das vagens (PV), peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\varnothing < 5,00$  mm)], peso de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\varnothing > 5,00$  mm)], peso das sementes (PS), peso de 100 sementes (P100) e índice de colheita (IC), em sete cultivares com e sem controle da ferrugem asiática da soja, em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011<sup>1,2</sup>

F.V.	G.L.	Q.M.		Q.M.		
		AACPFMI	G.L.	PS ( $\varnothing > 5,00$ mm)	G.L.	PTS
<b>Blocos</b>	3	20088,5369	3	270,9045	3	266,0082
<b>Cultivares (C)</b>	6	551722,7511**	6	868,2147 <sup>ns</sup>	6	860,5659 <sup>ns</sup>
<b>Fungicida (F)</b>	1	80341572,6124**	1	51207,6298**	1	50083,1595**
<b>Interação C x F</b>	6	409474,1808**	6	252,4570 <sup>ns</sup>	6	247,8683 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	22	41781,9905	21	355,1488	21	360,9111
<b>Média</b>		1703,56		44,77		45,99
<b>CV (%)</b>		12,00		42,09		41,31

F.V.	G.L.	Quadrados Médios			
		AACEFP	DF	APF	DM
<b>Blocos</b>	3	134,1522	13,6998	105,3088	11,5105
<b>Cultivares (C)</b>	6	821,7038**	264,4598**	1455,8274**	621,5845**
<b>Fungicida (F)</b>	1	141848,1495**	2652,3779**	12657,0645**	14930,8457**
<b>Interação C x F</b>	6	606,6874**	10,4812 <sup>ns</sup>	113,1882 <sup>ns</sup>	30,0907 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	39	50,8414	26,0264	140,4721	61,2264
<b>Média</b>		179,50	68,31	67,02	146,24
<b>CV (%)</b>		3,97	7,47	17,69	5,35

F.V.	G.L.	APM	NV	NS	
				( $\varnothing < 5,00$ mm)	( $\varnothing > 5,00$ mm)
<b>Blocos</b>	3	186,3219	585,4329	193,2955	2099,9669
<b>Cultivares (C)</b>	6	1313,9291**	9943,9412**	1013,8104**	27447,4829**
<b>Fungicida (F)</b>	1	16368,1207*	209402,0600**	1197,8750*	868188,3088**
<b>Interação C x F</b>	6	70,9445 <sup>ns</sup>	3947,6883*	493,8054 <sup>ns</sup>	10044,8933 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	39	187,7654	1654,1508	257,4387	5627,4388
<b>Média</b>		95,31	151,66	48,58	248,07
<b>CV (%)</b>		14,38	26,82	33,03	30,24

F.V.	G.L.	NS	NSV	PP	PH
<b>Cultivares (C)</b>	6	28715,7254**	0,2382**	7142,8637**	2885,9296**
<b>Fungicida (F)</b>	1	933780,3516**	0,9779**	181487,1471**	18693,7179**
<b>Interação C x F</b>	6	10397,2016 <sup>ns</sup>	0,1595*	1631,4379 <sup>ns</sup>	708,1297 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	39	6833,3355	0,0605	1142,3188	318,4079
<b>Média</b>		296,64	1,92	112,72	48,28
<b>CV (%)</b>		27,87	12,80	29,98	36,96

F.V.	G.L.	PV	PS		IC
			( $\varnothing < 5,00$ mm)	P100	
<b>Blocos</b>	3	8,6943	0,2102	2,8087	1,4268
<b>Cultivares (C)</b>	6	110,9802**	0,9469**	14,1958**	422,8731**
<b>Fungicida (F)</b>	1	4668,5342**	6,2438**	1099,0564**	6329,4210**
<b>Interação C x F</b>	6	35,5036 <sup>ns</sup>	0,4762 <sup>ns</sup>	4,4599**	181,5349**
<b>Resíduo</b>	39	26,2377	0,2298	1,4831	17,4410
<b>Média</b>		16,76	1,21	15,72	34,46
<b>CV (%)</b>		30,56	39,55	7,75	12,12

<sup>1</sup>\*\*\* Significativo a 1% e 5%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F;

<sup>2</sup><sup>ns</sup> Não significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade

**Anexo 9.** Relação entre o maior quadrado médio do resíduo (> QMR) e o menor quadrado médio do resíduo (< QMR) de 19 variáveis analisadas em sete cultivares sob dois manejos da doença, em campo, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

Variáveis	> QMR
	< QMR
Área abaixo da curva do progresso da ferrugem no folíolo mais infectado	10,14025
Área abaixo da curva da evolução da ferrugem na planta	1,07912
Dias para a floração	2,67432
Altura de planta na floração	1,90547
Dias para a maturação	4,83521
Altura de planta na maturação	1,81804
Número de vagens	3,42576
Número de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro	1,07985
Número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro	3,58852
Número de sementes	2,72715
Número de sementes por vagem	1,10197
Peso da planta	4,45418
Peso da haste	2,41076
Peso de vagens	5,63976
Peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro	1,72466
Peso de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro	12,00371
Peso de sementes	11,42264
Peso de 100 sementes	2,89254
Índice de colheita	1,28809

**Anexo 10.** Resumo da análise de variância da redução de produtividade devido à infecção das plantas com ferrugem, em gramas, (RP-A) e em porcentagem, (RP-B), avaliadas em sete cultivares de soja conduzidas em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, 2010/2011<sup>1</sup>

F.V.	G.L.	Quadrados médios	
		RP-A	RP-B
<b>Blocos</b>	3	1195,9177	251,7050
<b>Cultivares</b>	6	495,7380 <sup>ns</sup>	555,3407**
<b>Resíduo</b>	18	300,8700	83,2842
<b>Média</b>		59,8109	78,1361
<b>CV (%)</b>		29,0007	11,6796

<sup>1</sup>\*\* , <sup>ns</sup>: Significativo a 1% de probabilidade e não significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

**Anexo 11.** Média da área abaixo da curva de progresso da ferrugem no folíolo mais infectado (AACPFMI) e da evolução da ferrugem na planta (AACEFP), número de vagens (NV), número de sementes por vagem (NSV), peso de 100 da semente (P100) e índice de colheita (IC), de sete cultivares com e sem controle da doença com fungicida (Manejos), em experimento conduzido em campo, sob inoculação natural de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011<sup>1</sup>

Cultivares	AACPFMI				AACEFP			
	SEM controle		COM controle		SEM controle		COM controle	
TMG 801	2342,80	A b	392,97	B a	210,46	A d	119,29	B b
TMG 803	2294,41	A b	492,87	B a	208,42	A d	124,89	B b
BRS Valiosa RR	3411,36	A a	544,02	B a	239,69	A ab	132,53	B ab
Água-Marinha RR	3289,18	A a	566,09	B a	239,98	A ab	124,45	B b
UFVS 2010	3258,59	A a	520,94	B a	253,82	A a	131,35	B ab
NK 7059 RR	3172,94	A a	492,93	B a	235,47	A bc	126,36	B b
BRSO 7560	2540,07	A b	530,64	B a	220,94	A cd	145,30	B a
CV (%)	12,00				3,97			
Cultivares	NV				NSV			
	SEM controle		COM controle		SEM controle		COM controle	
TMG 801	129,70	B ab	214,33	A ab	2,08	A a	2,13	A ab
TMG 803	143,30	B a	300,75	A a	1,85	A ab	1,78	A b
BRS Valiosa RR	45,00	B b	185,08	A b	1,68	B ab	2,20	A ab
Água-Marinha RR	47,70	B b	233,45	A ab	1,43	B b	1,80	A b
UFVS 2010	68,35	B ab	205,60	A b	1,78	A ab	2,00	A ab
NK 7059 RR	96,65	B ab	183,03	A b	1,65	B ab	2,35	A a
BRSO 7560	102,85	B ab	167,43	A b	2,08	A a	2,13	A ab
CV (%)	26,82				12,80			
Cultivares	P100 (g)				IC			
	SEM controle		COM controle		SEM controle		COM controle	
TMG 801	11,86	B a	21,08	A ab	27,16	B b	46,32	A ab
TMG 803	12,48	B a	19,84	A ab	29,40	B b	39,30	A bc
BRS Valiosa RR	10,99	B ab	22,39	A a	13,45	B c	45,45	A ab
Água-Marinha RR	8,72	B b	17,11	A c	6,78	B c	35,57	A c
UFVS 2010	11,54	B a	18,76	A bc	22,83	B b	49,23	A a
NK 7059 RR	11,23	B ab	21,27	A ab	28,24	B b	53,60	A a
BRSO 7560	12,21	B a	20,59	A ab	38,96	B a	46,22	A ab
CV (%)	7,75				12,12			

<sup>1</sup>Médias seguidas pelas mesmas letras maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade.

**Anexo 12.** Média dos dias para a floração (DF), altura de planta na floração (APF), dias para a maturação (DM), altura de planta na maturação (APM), número de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset < 5,00$  mm)], número de sementes maiores que 5,0 mm de diâmetro [NS ( $\emptyset > 5,00$  mm)], número de sementes (NS), peso da planta (PP), peso das hastes (PH), peso das vagens (PV) e peso de sementes menores que 5,0 mm de diâmetro [PS ( $\emptyset < 5,00$  mm)], de sete cultivares com e sem controle da doença com fungicida, em experimento conduzido em campo, sob infecção de *P. pachyrhizi*, Viçosa-MG, safra de 2010/2011<sup>1</sup>

Cultivares	DF			APF		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	61,25	72,25	66,75 bc	46,80	71,88	59,34 bc
TMG 803	69,80	82,35	76,08 a	76,35	98,48	87,41 a
BRS Valiosa RR	63,65	77,50	70,58 ab	59,50	90,45	74,98 ab
Água-Marinha RR	68,60	81,80	75,20 a	51,45	94,03	72,74 ab
UFVS 2010	58,00	71,55	64,78 bc	47,58	82,28	64,93 b
NK 7059 RR	52,60	71,05	61,83 c	33,33	55,38	44,35 c
BRSO 7560	56,10	69,85	62,98 bc	48,88	81,88	65,38 b
Média	61,43 B	75,19 A		51,98 B	82,05 A	
CV (%)	7,47			17,69		
Cultivares	DM			APM		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	134,70	168,85	151,78 a	69,03	99,60	84,31 b
TMG 803	138,45	173,90	156,18 a	104,83	134,20	119,51 a
BRS Valiosa RR	131,55	161,75	146,65 a	78,25	114,08	96,16 b
Água-Marinha RR	139,05	167,00	153,03 a	85,58	120,90	103,24 ab
UFVS 2010	133,40	161,85	147,63 a	64,48	100,10	82,29 b
NK 7059 RR	115,10	153,45	134,28 b	78,78	106,10	92,44 b
BRSO 7560	117,15	151,20	134,18 b	66,55	111,85	89,20 b
Média	129,91 B	162,57 A		78,21 B	112,40 A	
CV (%)	5,35			14,38		
Cultivares	NS ( $\emptyset < 5,00$ mm)			NS ( $\emptyset > 5,00$ mm)		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	66,50	56,95	61,73 a	204,65	401,03	302,84 ab
TMG 803	48,40	38,65	43,53 ab	212,80	491,20	352,00 a
BRS Valiosa RR	20,80	43,10	31,95 b	56,35	368,68	212,51 b
Água-Marinha RR	42,50	54,58	48,54 ab	27,65	358,40	193,03 b
UFVS 2010	50,55	76,58	63,56 a	74,30	330,23	202,26 b
NK 7059 RR	50,00	49,70	49,85 ab	105,50	351,40	228,45 b
BRSO 7560	28,90	52,85	40,88 ab	183,65	307,15	245,40 ab
Média	43,95 B	53,20 A		123,56 B	372,58 A	
CV (%)	33,03			30,24		
Cultivares	NS			PP (g)		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	271,15	457,93	364,54 ab	84,63	180,94	132,78 ab
TMG 803	261,20	529,83	395,51 a	90,17	248,56	169,37 a
BRS Valiosa RR	77,15	411,78	244,46 b	49,69	172,63	111,16 b
Água-Marinha RR	70,15	412,95	241,55 b	33,82	177,29	105,55 b
UFVS 2010	124,85	406,80	265,83 b	33,69	127,13	80,41 b
NK 7059 RR	155,50	401,08	278,29 ab	41,74	143,00	92,37 b
BRSO 7560	212,55	360,03	286,29 ab	56,84	138,02	97,43 b
Média	167,51 B	425,77 A		55,80 B	169,65 A	
CV (%)	27,87			29,98		

Cont.

Cont. Anexo 12.

Cultivares	PH (g)			PV (g)		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	39,99	63,21	51,60 bc	13,05	30,23	21,64 a
TMG 803	50,85	115,60	83,22 a	10,29	33,46	21,87 a
BRS Valiosa RR	37,31	63,45	50,38 bc	3,77	25,93	14,85 ab
Água-Marinha RR	26,06	89,26	57,66 ab	2,40	24,28	13,34 b
UFVS 2010	17,13	41,31	29,22 c	4,57	21,26	12,91 b
NK 7059 RR	18,25	44,17	31,21 bc	7,94	22,43	15,18 ab
BRSO 7560	20,49	48,86	34,67 bc	11,40	23,65	17,53 ab
Média	30,01 B	66,55 A		7,63 B	25,89 A	
CV (%)	36,96			30,56		

Cultivares	PS (Ø < 5,00 mm) (g)			PS (Ø > 5,00 mm) (g)		
	SEM controle	COM controle	Média	SEM controle	COM controle	Média
TMG 801	1,96	0,91	1,43 ab	23,85	84,39	54,12
TMG 803	1,43	0,68	1,05 ab	26,57	97,72	62,14
BRS Valiosa RR	0,82	0,69	0,76 b	6,19	81,19	43,69
Água-Marinha RR	1,78	0,69	1,24 ab	2,50	61,43	31,97
UFVS 2010	1,65	1,34	1,50 ab	8,47	61,95	35,21
NK 7059 RR	2,30	1,04	1,67 a	11,76	74,88	43,32
BRSO 7560	0,89	0,79	0,84 b	22,41	63,53	42,97
Média	1,55 A	0,88 B		14,53 B	75,01 A	
CV (%)	39,55			42,09		

Cultivares	PS (g)			RP	
	SEM controle	COM controle	Média	Redução (g)	Redução (%)
TMG 801	25,81	85,30	55,55	59,50	69,84 bc
TMG 803	28,00	98,39	63,20	70,40	67,55 c
BRS Valiosa RR	7,02	81,88	44,45	74,87	90,07 ab
Água-Marinha RR	4,28	62,13	33,20	57,85	93,18 a
UFVS 2010	10,11	63,29	36,70	53,18	83,40 abc
NK 7059 RR	14,06	75,92	44,99	61,86	80,58 abc
BRSO 7560	23,29	64,32	43,81	41,03	62,33 c
Média	16,08 B	75,89 A		59,50	69,84 bc
CV (%)	41,31			29,00	11,68

<sup>1</sup>Médias seguidas pelas mesmas letras maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

**Anexo 13.** Medidas de dissimilaridade estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis entre sete cultivares de soja, com base em caracteres relacionados com a resistência, conduzidas em campo e infectadas com ferrugem asiática, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

	TMG 801	TMG 803	BRS Valiosa RR	Água-Marinha RR	UFVS 2010	NK 7059 RR	BRSO 7560
TMG 801	0,000						
TMG 803	0,196	0,000					
BRS Valiosa RR	36,312	41,263	0,000				
Água-Marinha RR	34,617	39,735	0,734	0,000			
UFVS 2010	48,505	54,209	11,498	8,403	0,000		
NK 7059 RR	21,476	25,255	2,484	2,578	10,780	0,000	
BRSO 7560	3,007	3,767	28,963	27,582	33,501	14,650	0,000

Caracteres de resistência: AACPFMI, AACEFP e RP.

**Anexo 14.** Medidas de dissimilaridade estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis entre sete cultivares de soja, com base em caracteres relacionados agrônômicos, conduzidas em campo e infectadas com ferrugem asiática, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

	<b>TMG 801</b>	<b>TMG 803</b>	<b>BRS Valiosa RR</b>	<b>Água- Marinha RR</b>	<b>UFVS 2010</b>	<b>NK 7059 RR</b>	<b>BRSGO 7560</b>
<b>TMG 801</b>	0,000						
<b>TMG 803</b>	209,907	0,000					
<b>BRS Valiosa RR</b>	149,037	206,315	0,000				
<b>Água-Marinha RR</b>	295,731	310,763	87,476	0,000			
<b>UFVS 2010</b>	184,743	132,002	103,400	121,616	0,000		
<b>NK 7059 RR</b>	460,419	451,946	189,668	329,900	384,998	0,000	
<b>BRSGO 7560</b>	173,003	303,305	150,027	396,759	320,173	180,147	0,000

Caracteres agrônômicos: DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\emptyset < 5,00$  mm), NS ( $\emptyset > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\emptyset < 5,00$  mm), PS ( $\emptyset > 5,00$  mm), PS, P100 e IC.

**Anexo 15.** Medidas de dissimilaridade estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis entre sete cultivares de soja, com base em todos os caracteres analisados, conduzidas em campo e infectadas com ferrugem asiática, Viçosa-MG, safra de 2010/2011

	<b>TMG 801</b>	<b>TMG 803</b>	<b>BRS Valiosa RR</b>	<b>Água- Marinha RR</b>	<b>UFVS 2010</b>	<b>NK 7059 RR</b>	<b>BRSGO 7560</b>
<b>TMG 801</b>	0.000						
<b>TMG 803</b>	602.901	0.000					
<b>BRS Valiosa RR</b>	556.867	991.126	0.000				
<b>Água-Marinha RR</b>	868.826	1184.821	111.084	0.000			
<b>UFVS 2010</b>	478.850	379.671	301.152	370.450	0.000		
<b>NK 7059 RR</b>	429.411	741.899	203.809	422.062	296.223	0.000	
<b>BRSGO 7560</b>	140.253	677.679	468.245	866.250	490.820	221.062	0.000

Caracteres: AACPFMI, AACEFP, RP, DF, APF, DM, APM, NV, NS ( $\emptyset < 5,00$  mm), NS ( $\emptyset > 5,00$  mm), NS, NSV, PP, PH, PV, PS ( $\emptyset < 5,00$  mm), PS ( $\emptyset > 5,00$  mm), PS, P100 e IC.

**Anexo 16.** Medidas de dissimilaridade estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis entre sete cultivares de soja, com base em seis caracteres analisados no experimento 1 (abaixo da diagonal) e no experimento 2 (acima da diagonal), conduzidas em campo e infectadas com ferrugem asiática, Viçosa-MG

	<b>TMG 801</b>	<b>TMG 803</b>	<b>BRS Valiosa RR</b>	<b>Água- Marinha RR</b>	<b>UFVS 2010</b>	<b>NK 7059 RR</b>	<b>BRSGO 7560</b>
<b>TMG 801</b>	-	6,554	79,403	119,486	48,532	41,769	8,935
<b>TMG 803</b>	120,066	-	90,178	139,490	68,865	54,713	9,715
<b>BRS Valiosa RR</b>	147,248	436,169	-	11,471	10,949	7,083	51,359
<b>Água-Marinha RR</b>	79,304	267,293	191,662	-	25,893	24,455	86,975
<b>UFVS 2010</b>	74,303	285,099	17,824	125,753	-	2,918	34,188
<b>NK 7059 RR</b>	128,560	395,526	2,999	164,664	10,688	-	24,893
<b>BRSGO 7560</b>	47,101	195,558	79,854	152,257	31,824	73,930	-

Caracteres de resistência: AACPFMI, NS, PS, RP-g, RP-% e P100.